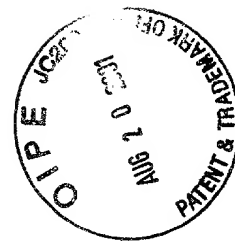


0976693-092004

+

1/59



#4

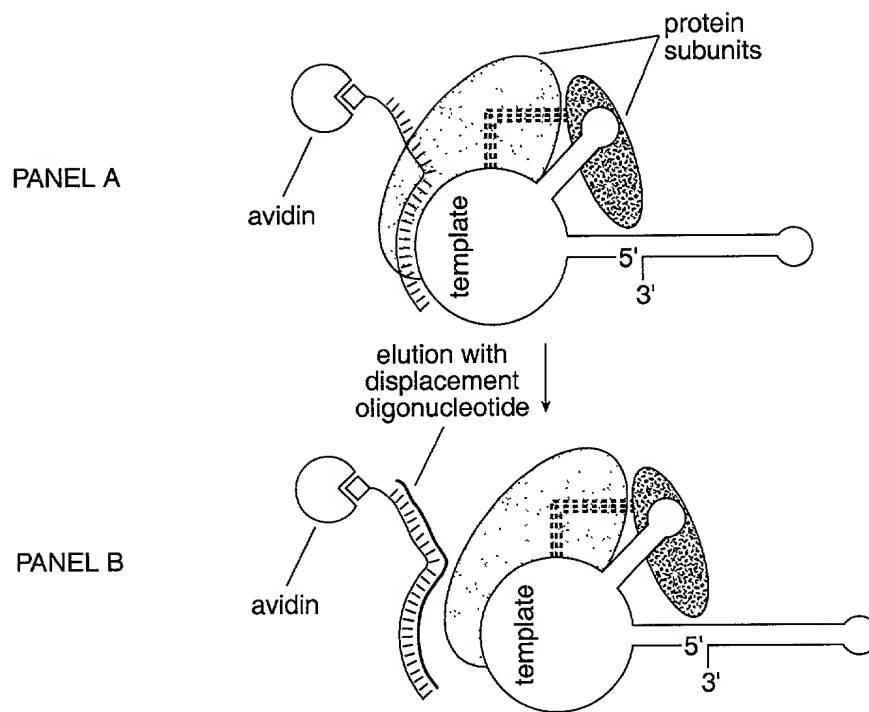


FIG. 1

+

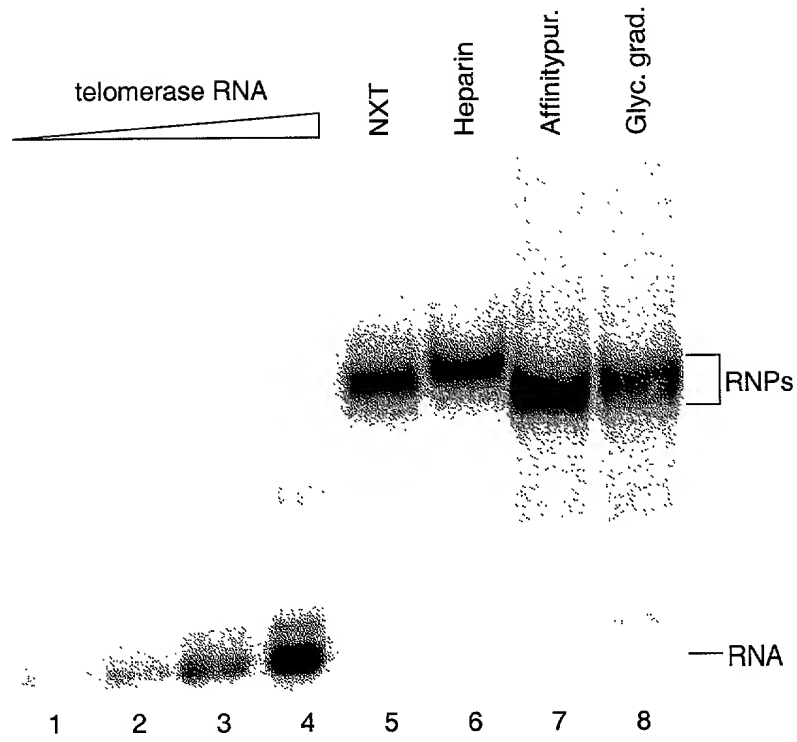


FIG. 2

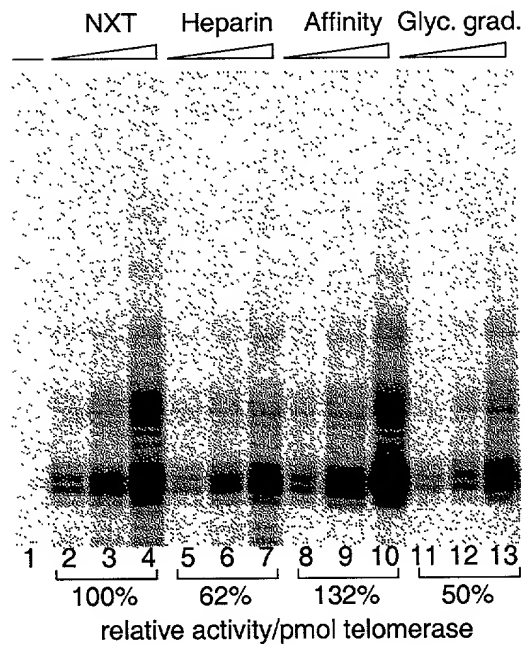


FIG. 3

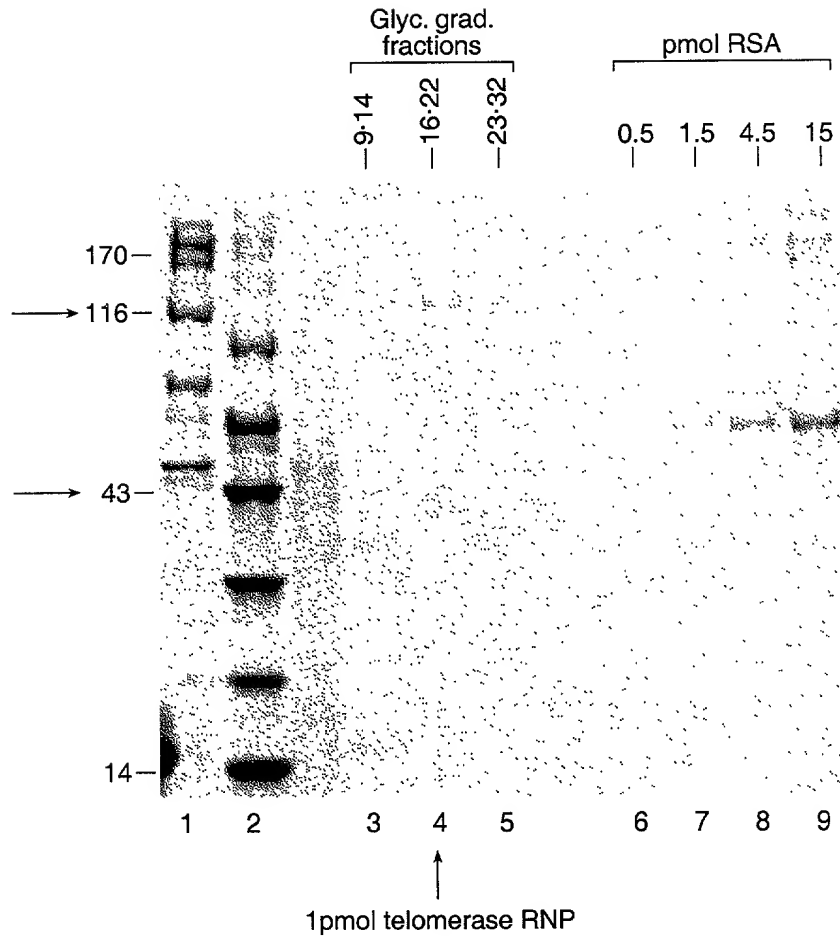


FIG. 4

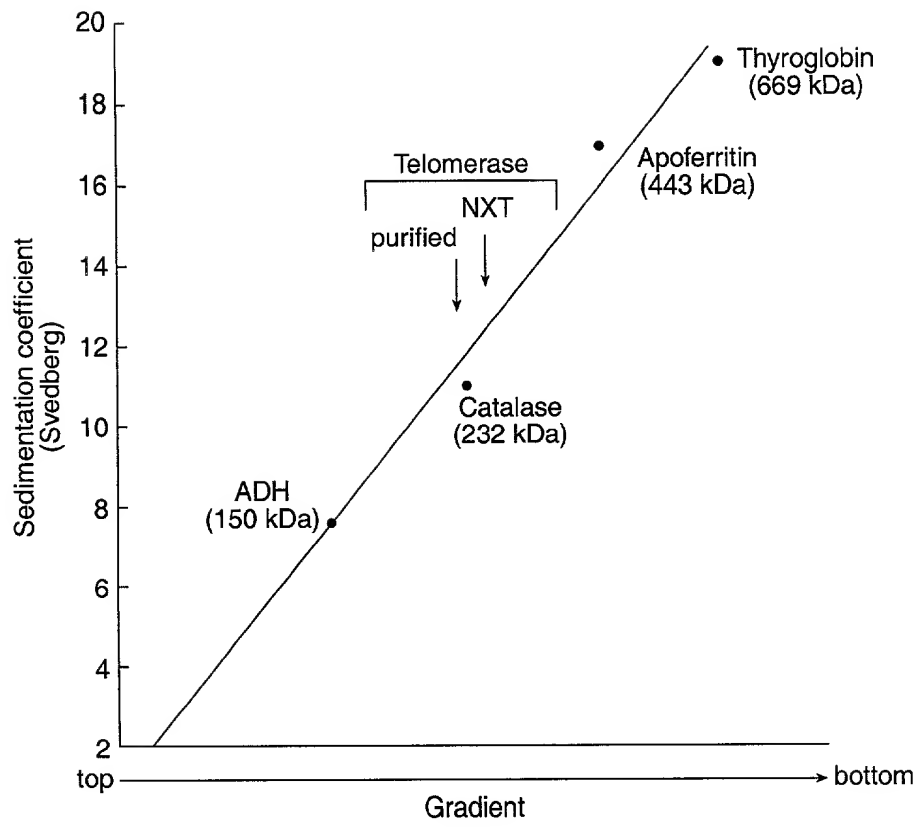


FIG. 5

Telomerase:

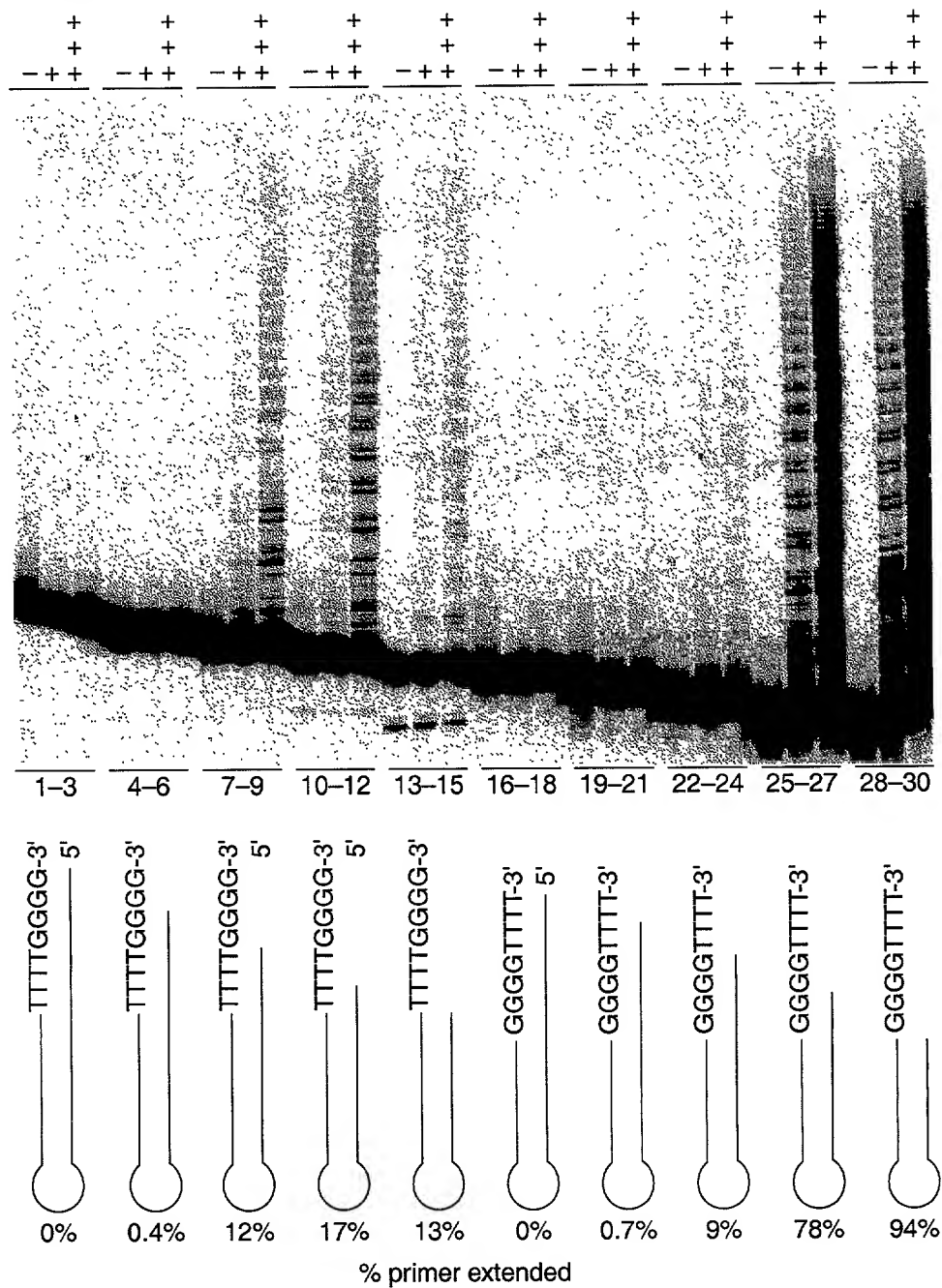


FIG. 6

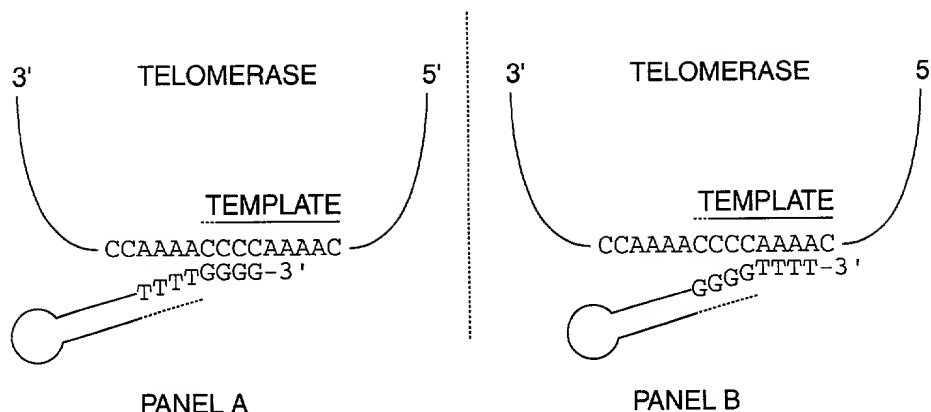


FIG. 7

1	CCCCAAAACC	CCAAAACCCC	AAAACCCCTA	TAAAAAAGA	AAAAATTGAG
51	GTAGTTTAGA	AATAAAATAT	TATTCCTGCA	CAATGGAGA	TGGATATTGA
101	TTTGGATGAT	ATAGAAAATT	TACTTCCTAA	TACATTC AAC	AAGTATAGCA
151	GCTCTGTAG	TGACAAGAAA	GGATGCAAAA	CATTGAAATC	TGGCTCGAAA
201	TGCGCTTCAT	TGACTATTCC	AAAGTTGCAA	AAACAATTAG	AGTTCTACTT
251	CTCGGATGCA	AATCTTTATA	ACGATTCTTT	CTTGAGAAAA	TTAGTTTAA
301	AAAGCGGAGA	GCAAAGAGTA	GAAATTGAAA	CATTACTAAT	GTTTAAATAA
351	AATCAGGTAA	TGAGGATTAT	TCTATTTTTT	AGATCACTTC	TTAAGGAGCA
401	TTATGGAGAA	AATTACTTAA	TACTAAAAGG	TAAACAGTTT	GGATTATTTC
451	CCTAGCCAAC	AATGATGAGT	ATATTTAAAT	CATATGAGAA	TGAGTCAAAG
501	GATCTCGATA	CATCAGACTT	ACCAAAGACA	AACTCGCTAT	AAAACGCAAG
551	AAAAAGTTTG	ATAATCGAAC	AGCAGAAGAA	CTTATTGCAT	TTACTATTTCG
601	TATGGGTTTT	ATTACAATTG	TTTTAGGTAT	CGACGGTGAA	CTCCCGAGTC
651	TTGAGACAAAT	TGAAAAAGCT	GTTTACAAC	GAAGGAATCG	CAGTTCTGAA
701	AGTTCTGATG	TGTATGCCAT	TATTTTGTGA	ATTAATCTCA	AATATCTTAT
751	CTCAATTTAA	TGGATAGCTA	TAGAAACAAA	CCAAATAAAC	CATGCAAGTT
801	TAATGGAATA	TACGTTAAAT	CCTTTGGGAC	AAATGCACAC	TGAATTTATA
851	TTGGATTCTT	AAAGCATAGA	TACACAGAAT	GCTTTAGAGA	CTGATTTAGC
901	TTACAACAGA	TTACCTGTTT	TGATTACTCT	TGCTCATCTC	TTATATCTTT
951	AAAAGAAGCA	GGCGAAATGA	AAAGAAGACT	AAAGAAAGAG	ATTTCAAAAT
1001	TTGTTGATTC	TTCTGTAACC	GGAATTAACA	ACAAGAATAT	TAGCAACGAA
1051	AAAGAAGAAG	AGCTATCACA	ATCCTGATTC	TTAAAGATTT	CAAAAATTCC
1101	AGGTAAGAGA	GATACATTCA	TTAAAATTCA	TATATTATAG	TTTTTCATTT
1151	CACAGCTGTT	ATTTTCTTTT	ATCTTAACAA	TATTTTGTGA	TTAGCTGGAA
1201	GTAAAAAGTA	TCAAATAAGA	GAAGCGCTAG	ACTGAGGTAA	CTTAGCTTAT
1251	TCACATTCAT	AGATCGACCT	TCATATATCC	AATACGATGA	TAAGGAAACA
1301	GCAGTCATCC	GTTTTAAAAA	TAGTGCTATG	AGGACTAAAT	TTTTAGAGTC
1351	AAGAAATGGA	GCCGAAATCT	TAATCAAAAA	GAATTGCGTC	GATATTGCAA
1401	AAGAATCGAA	CTCTAAATCT	TTCGTTAATA	AGTATTACCA	ATCTTGATTG
1451	ATTGAAGAGA	TTGACGAGGC	AACTGCACAG	AAGATCATTA	AAGAAATAAA
1501	GTAACTTTTA	TTAATTAGAG	AATAAACTAA	ATTACTAATA	TAGAGATCAG
1551	CGATCTTCAA	TTGACGAAAT	AAAAGCTGAA	CTAAAGTTAG	ACAATAAAAA
1601	ATACAAACCT	TGGTCAAAAT	ATTGAGGAAG	GAAAAGAAGA	CCAGTTAGCA
1651	AAAGAAAAAA	TAAGGCAATA	AATAAAATGA	GTACAGAAGT	GAAGAAATAA
1701	AAGATTTTAT	TTTTTCAATA	ATTTATTGAA	AAGAGGGGTT	TTGGGGTTTTT
1751	GGGGTTTTTG	GG			

FIG. 11

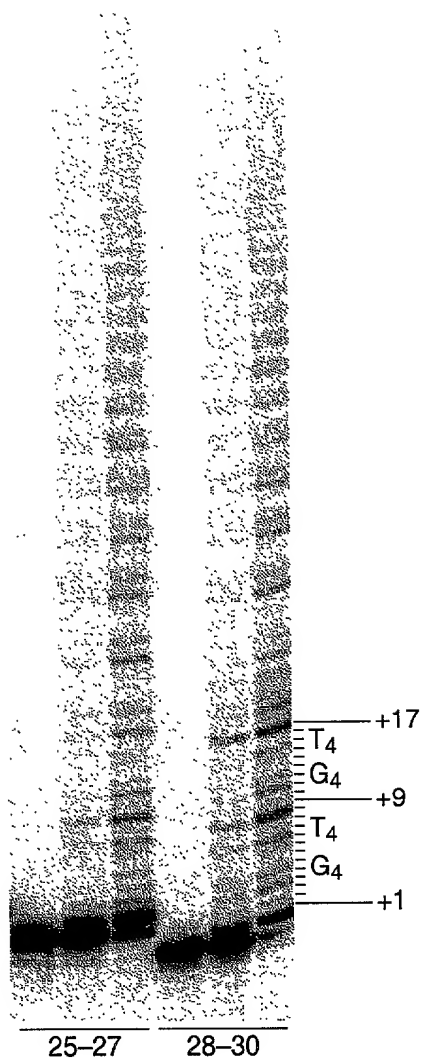


FIG. 8

1 AAAACCCCCAA AACCCCAAAA CCCCTTTT TAG AGCCCTGCAG TTGGAAATAT
 51 AACCTCAGTA TTAATAAGCT CAGATTTTAA ATATTAATTA CAAAACCTAA
 101 ATGGAGGTTG ATGTTGATAA TCAAGCTGAT AATCATGGCA TTCACTCAGC
 151 TCTTAAGACT TGTGAAGAAA TTAAAGAAGC TAAAACGTTG TACTCTTGGA
 201 TCCAGAAAGT TATTAGATGA AGAAATCAAT CTCAAAGTCA TTATAAAGAT
 251 TTAGAAGATA TTAAAATATT TGCGCAGACA AATATTGTTG CTACTCCACG
 301 AGACTATAAT GAAGAAGATT TTAAAGTTAT TGCAAGAAAA GAAGTATTTT
 351 CAACTGGACT AATGATCGAA CTTATTGACA AATGCCTAGT TGAACCTCTT
 401 TCATCAAGCG ATGTTTCAGA TAGACAAAAA CTTCAATGAT TTGGATTTC A
 451 ACTTAAGGGA AATCAATTAG CAAAGACCCA TTTATTAACA GCTCTTTCAA
 501 CTCAAAGCA GTATTTCTTT CAAGACGAAT GGAACCAAGT TAGAGCAATG
 551 ATTGGAAATG AGCTCTTCCG ACATCTCTAC ACTAAATATT TAATATTCCA
 601 CGGAACCTTCT GAAGGAATC TTGTTCAATT TTGCGGGAAT AACGTTTTTG
 651 ATCATTTGAA AGTCAACGAT AAGTTTGACA AAAAGCAAAA AGGTGGAGCA
 701 GCAGACATGA ATGAACCTCG ATGTTGATCA ACCTGCAAAAT ACAATGTCAA
 751 GAATGAGAAA GATCACTTTC TCAACAACAT CAACGTGCCG AATTGGAATA
 801 ATATGAAATC AAGAACCAGA ATATTTTATT GCACTCATTT TAATAGAAAT
 851 AACCAATCTC TCAAAAAGCA TGAGTTTGTG AGTAACAAAA ACAATATTTT
 901 AGCGATGGAC AGAGCTCAGA CGATATTCAC GAATATATTC AGATTTAATA
 951 GAATTAGAAA GAAGCTAAAA GATAAGGTTA TCGAAAAAAT TGCCTACATG
 1001 CTTGAGAAAG TCAAAGATTT TAACTTCAAC TACTATTTAA CAAAATCTTG
 1051 TCCTCTTCCA GAAATTTGGC GGAACGGAA ACAAAAATC GAAAACCTGA
 1101 TAAATAAAAC TAGAGAAGAA AAGTCGAAGT ACTATGAAGA GCTGTTTAGC
 1151 TACACAAC TG ATAATAAATG CGTCACACAA TTTATTAATG AATTTTCTA
 1201 CAATATACTC CCCAAAGACT TTTTGACTGG AAGAAACCGT AAGAATTTTC
 1251 AAAAGAAAAGT TAAGAAATAT GTGGAACATA ACAAGCATGA ACTCATTCAC
 1301 AAAAATTTAT TGCTTGAGAA GATCAATACA AGAGAAATAT CATGGATGCA
 1351 GGTTGAGACC TCTGCAAAGC ATTTTATTA TTTTGATCAC GAAAACATCT
 1401 ACGTCTTATG GAAATTGCTC CGATGGATAT TCGAGGATCT CGTCGTCTCG
 1451 CTGATTAGAT GATTTTCTTA TGTCACCGAG CAACAGAAAA GTTACTCCAA
 1501 AACCTATTAC TACAGAAAGA ATATTTGGGA CGTCATTATG AAAATGTCAA
 1551 TCGCAGACTT AAAGAAGGAA ACCGCTTGCTG AGGTCCAAGA AAAAGAGGTT
 1601 GAAGAATGGA AAAAGTCGCT TGGATTGCA CCTGGAAC TCAGACTAAT
 1651 ACCGAAGAAA ACTACTTTC GTCCAATTAT GACTTTC AAT AAGAAGATTG
 1701 TAAATTGAGA CCGGAAGACT ACAAAATTA CTACAAATAC GAAGTTATTG
 1751 AACTCTCACT TAATGCTTAA GACATTGAAG AATAGAATGT TTAAAGATCC
 1801 TTTTGGATTG GCTGTTTTTA ACTATGATGA TGTAATGAAA AAGTATGAGG
 1851 AGTTTGTTTG CAAATGGAAG CAAGTTGGAC AACC AAAACT CTCTTTGCA
 1901 ACTATGGATA TCGAAAAGTG ATATGATAGT GTAAACAGAG AAAA ACTATC
 1951 AACATTCTTA AAAACTACTA AATTACTTTC TTCAGATTT TCGGAAAAAC
 2001 CTGCACAAAT TCTAAAGAGA AAGAATAACA TAGTTATCGA TTCGAAAAAC
 2051 TTTAGAAAGA AAGAAATGAA AGATTATTTT AGACAGAAAT TCCAGAAGAT
 2101 TGCATTGAA GGAGGACAAT ATCCAACCTT ATTCAGTGT CTGAAAATG
 2151 AACAAAATGA CTTAAATGCA AAGAAAACAT TAATTGTTGA AGCAAAGCAA
 2201 AGAAATTATT TTAAGAAAGA TAACTTACTT CAACCAGTCA TTAATATTG
 2251 CCAATATAAT TACATTAAC TTAATGGGAA GTTTTATAAA CAAACAAAAG
 2301 GAATTCCTCA AGGTCTTTGA GTTTCATCAA TTTTGTCATC ATTTTATTAT
 2351 GCAACATTAG AGGAAAGCTC CTTAGGATTC CTTAGAGATG AATCAATGAA

FIG. 9

2401 CCCTGAAAAT CCAAATGTTA ATCTTCTAAT GAGACTTACA GATGACTATC
 2451 TTTTGATTAC AACTCAAGAG AATAATGCAG TATTGTTTAT TGAGAAACTT
 2501 ATAAACGTAA GTCGTGAAAA TGGATTTAAA TTCAATATGA AGAAACTACA
 2551 GACTAGTTTT CCATTAAGTC CAAGCAAATT TGCAAAATAC GGAATGGATA
 2601 GTGTTGAGGA GCAAAATATT GTTCAAGATT ACTGCGATTG GATTGGCATC
 2651 TCAATTGATA TGAAAACCTCT TGCTTTAATG CCAAATATTA ACTTGAGAAT
 2701 AGAAGGAATT CTGTGTACAC TCAATCTAAA CATGCAAACA AAGAAAGCAT
 2751 CAATGTGGCT CAAGAAGAAA CTAAAGTCGT TTTTAATGAA TAACATTACC
 2801 CATTATTTTA GAAAGACGAT TACAACCGAA GACTTTGCGA ATAAACTCT
 2851 CAACAAGTTA TTTATATCAG GCGGTTACAA ATACATGCAA TGAGCCAAAG
 2901 AATACAAGGA CCACTTTAAG AAGAACTTAG CTATGAGCAG TATGATCGAC
 2951 TTAGAGGTAT CTAAAATTAT ATACTCTGTA ACCAGAGCAT TCTTTAAATA
 3001 CCTTGTTGTC AATATTAAGG ATACAATTTT TGGAGAGGAG CATTATCCAG
 3051 ACTTTTTCTT TAGCACACTG AAGCACTTTA TTGAAATATT CAGCACAAAA
 3101 AAGTACATTT TCAACAGAGT TTGCATGATC CTCAAGGCAA AAGAAGCAAA
 3151 GCTAAAAAGT GACCAATGTC AATCTCTAAT TCAATATGAT GCATAGTCGA
 3201 CTATTCTAAC TTATTTTGA AAGTTAATT TCAATTTTGT TCTTATATAC
 3251 TGGGGTTTTG GGGTTTTGGG GTTTTGGGG

FIG. 9
(CONTINUED)

1 MEVDVDNQAD NHGIHSALKT CEEIKEAKTL YSWIQKVIRC RNQSQSHYKD
 51 LEDIKIFAQT NIVATPRDYN EEDFKVIARK EVFSTGLMIE LIDKCLVELL
 101 SSSDVSDRQK LQCFGFQLKG NQLAKTHLLT ALSTQKQYFF QDEWNQVRAM
 151 IGNELFRHLY TKYLIFQRTS EGTLVQFCGN NVFDHLKVND KFDKKQKGGGA
 201 ADMNEPRCCS TCKYNVKNK DHFLNNINVP NWNMKSRTTR IFYCTHFNRN
 251 NQFFKKHEFV SNKNNISAMD RAQTIFTNIF RFNRIRKKLK DKVIEKIAM
 301 LEKVKDFNFN YYLTKSCPLP ENWRERKQKI ENLINKTREE KSKYYEELFS
 351 YTTDNKCVTQ FINEFFYNIL PKDFLTGRNR KNFQKKVKKY VELNKHელი
 401 KNLLLEKINT REISWMQVET SAKHFYFDH ENIYVLWKL RWIFEDLVVS
 451 LIRCFYVTE QQKSYSKTY YRKNIWVIM KMSIADLKKE TLAEVQEKEV
 501 EEWKSLGFA PGKLRLIPK TTFRPIMTFN KKIVNSDRKT TKLTNTKLL
 551 NSHLMLKTLK NRMFKDPFGF AVFNYDDVMK KYEEFVCKWK QVGQPKLFFA
 601 TMDIEKCYDS VNREKLSTFL KTTKLLSSDF WIMTAQILKR KNNIVIDSKN
 651 FRKKEMKDYF RQKFQKIALE GGQYPTLFSV LENEQNDLNA KKTLLIVEAKQ
 701 RNYFKKDNLL QPVINICQYN YINFNGKFYK QTKGIPQGLC VSSILSSFY
 751 ATLESSLGF LRDESMNPEN PNVNLLMRLT DDYLLITTQE NNAVLFIKEL
 801 INVSRENGFK FNMKKLQTSF PLSPSKFAKY GMDSVEEQNI VQDYCDWIGI
 851 SIDMKTLALM PNINLRIEGL LCTLNLMQT KKASMWLKKK LKSFLMNNIT
 901 HYFRKTITTE DFANKTLNKL FISGGYKYM CAKEYKDHFK KNLAMSSMID
 951 LEVSKIIYSV TRAFFKYLVC NIKDTIFGEE HYPDFLSTL KHFIelfSTK
 1001 KYIFNRVCM LKAKEAKLKS DQCQSLIQYD A

FIG. 10

CCCCCAAACCCCAAAACCCCAAAACCCCTATAAAAAAGAAAAATTGAGGTAGTTTAGA
 1 -----+-----+-----+-----+-----+ 60
 GGGGTTTTGGGGTTTTGGGGTTTTGGGGATATTTTTTCTTTTAACTCCATCAAATCT

 a P Q N P K T P K P L * K K K K L R * F R -
 b P K T P K P Q N P Y K K R K N C G S L E -
 c P K P Q N P K T P I K K E K I E V V * K -

 AATAAAATATTATCCCGCACAAATGGAGATGGATATTGATTGGATGATATAGAAAATT
 61 -----+-----+-----+-----+-----+ 120
 TTATTTTATAATAAGGGCGTGTTCCTCTACCTATAACTAAACCTACTATATCTTTTAA

 a N K I L F P H K W R W I L I W M I * K I -
 b I K Y Y S R T N G D G Y C F G C Y R K F -
 c * N I I P A Q M E M D I D L D D I E N L -

 TACTTCTAATACATTCAACAAGTATAGCAGCTCTTGTAGTGACAAGAAAGGATGCAAAA
 121 -----+-----+-----+-----+-----+ 180
 ATGAAGGATTATGTAAGTTGTTTCATATCGTCGAGAACATCACTGTTCTTTCTACGTTTT

 a Y F L I H S T S I A A L V V T R K D A K -
 b T S * Y I Q Q V * Q L L * * Q E R M Q N -
 c L P N T F N K Y S S S C S D K K G C K T -

 CATTGAAATCTGGCTCGAAATCGCCTTCATTGACTATTCCAAAGTTGCAAAAACAATTAG
 181 -----+-----+-----+-----+-----+ 240
 GTAACTTTAGACCGAGCTTTAGCGGAAGTAAGTATAAGGTTTCAACGTTTTTGTAAATC

 a H C N L A R N R L H C L F Q S C K N N * -
 b I E I W L E I A F I D Y S K V A K T I R -
 c L K S G S K S P S L T I P K L Q K Q L E -

 AGTTCTACTTCTCGGATGCAAAATCTTTATAACGATTCTTTCTTGAGAAAATTAGTTTTAA
 241 -----+-----+-----+-----+-----+ 300
 TCAAGATGAAGAGCCTACGTTTAGAAATATTGCTAAGAAAGAACTCTTTAATCAAAATT

 a S S T S R M Q I F I T I L S C E N * F * -
 b V L L L G C K S L * R F F L E K I S F K -
 c F Y F S D A N L Y N D S F L R K L V L K -

 AAAGCGGAGAGCAAAGAGTAGAAATTGAAACATTACTAATGTTTAAATAAAATCAGGTAA
 301 -----+-----+-----+-----+-----+ 360
 TTTGCGCTCTCGTTTCTCATCTTTAACTTTGTAATGATTACAAATTTATTTTAGTCCATT

 a K A E S K E * K L K H Y * C L N K I R * -
 b K R R A K S R N C N I T N V * I K S G N -
 c S G E Q R V E I E T L L M F K * N Q V M -

 TGAGGATTATTCTATTTTTTAGATCACTTCTTAAGGAGCATTATGGAGAAAATTACTTAA
 361 -----+-----+-----+-----+-----+ 420
 ACTCCTAATAAGATAAAAAATCTAGTGAAGAATTCCTCGTAATACCTCTTTAATGAATT

 a C G L F Y F L D H F L R S I M E K I T * -
 b E D Y S I F * I T S * G A L W R K L L N -
 c R I I L F F R S L L K E H Y G E N Y L I -

FIG. 12

11/59

```

TACTAAAAGGTAAACAGTTTGGATTATTTCCCTAGCCAACAATGATGAGTATATTAAATT
421 -----+-----+-----+-----+-----+-----+ 480
ATGATTTTCCATTTGTCAAACCTAATAAAGGGATCGGTTGTTACTACTCATATAATTAA

a Y * K V N S L D Y F P S Q Q C C V Y * I -
b T K R * T V W I I S L A N N D E Y I K F -
c L K G K Q F G L F P * P T M M S I L N S -

CATATGAGAATGAGTCAAAGGATCTCGATACATCAGACTTACCAAAGACAAACTCGCTAT
481 -----+-----+-----+-----+-----+-----+ 540
GTATACTCTTACTCAGTTTCTAGAGCTATGTAGTCTGAATGGTTTCTGTTTGAGCGATA

a H M R M S Q R I S I H Q T Y Q R Q T R Y -
b I C E C V K G S R Y I R L T K D K L A I -
c Y E N E S K D L D T S D L P K T N S L * -

AAAAACGCAAGAAAAAGTTTGATAATCGAACAGCAGAAGAACTTATTGCATTTACTATTTCG
541 -----+-----+-----+-----+-----+-----+ 600
TTTTGCGTTCTTTTCAAACCTATTAGCTTGTGCTCTTCTGAATAACGTAAATGATAAGC

a K T Q E K V C * S N S R R T Y C I Y Y S -
b K R K K K F D N R T A E E L I A F T I R -
c N A R K S L I I E Q Q K N L L H L L F V -

TATGGGTTTTATTACAATTGTTTTAGGTATCGACGGTGAACCTCCCGAGTCTTGAGACAAT
601 -----+-----+-----+-----+-----+-----+ 660
ATACCCAAAATAATGTAAACAAATCCATAGCTGCCACTTGAGGGCTCAGAACTCTGTTA

a Y G F Y Y N C F R Y R R C T P E S C D N -
b M G F I T I V L G I D G E L P S L E T I -
c W V L L Q L F * V S T V N S R V L R Q L -

TGAAAAAGCTGTTTACAACCTGAAGGAATCGCAGTTCTGAAAGTTCTGATGTGTATGCCAT
661 -----+-----+-----+-----+-----+-----+ 720
ACTTTTTTCGACAAATGTTGACTTCCTTAGCGTCAAGACTTTCAAGACTACACATACGGTA

a C K S C L Q L K E S Q F C K F * C V C H -
b E K A V Y N C R N R S S E S S D V Y A I -
c K K L F T T E G I A V L K V L M C M P L -

TATTTTGTGAATTAATCTCAAATATCTTATCTCAATTTAATGGATAGCTATAGAAACAA
721 -----+-----+-----+-----+-----+-----+ 780
ATAAAACACTTAATTAGAGTTTATAGAATAGAGTTAAATTACCTATCGATATCTTTGTTT

a Y F V N * S Q I S Y L N L M D S Y R N K -
b I L C I N L K Y L I S I * W I A I E T N -
c F C E L I S N I L S Q F N G * L * K Q T -

CCAAATAAACCATGCAAGTTTAAATGGAATATACGTTAAATCCTTTGGGACAAATGCACAC
781 -----+-----+-----+-----+-----+-----+ 840
GGTTTATTTGGTACGTTCAAATTACCTTATATGCAATTTAGGAAACCCTGTTTACGTGTG

a P N K P C K F N G I Y V K S F G T N A H -
b Q I N H A S L M E Y T L N P L G Q M H T -
c K * T M Q V * W N I R * I L W D K C T L -

TGAATTTATATTGGATTCTTAAAGCATAGATACACAGAATGCTTTAGAGACTGATTTAGC
841 -----+-----+-----+-----+-----+-----+ 900
ACTTAAATATAACCTAAGAATTTTCGTATCTATGTGTCTTACGAAATCTCTGACTAAATCG

a C I Y I G F L K H R Y T E C F R D C F S -
b E F I L D S * S I D T Q N A L E T D L A -
c N L Y W I L K A * I H R M L * R L I * L -

```

FIG. 12
(CONTINUED)

TTACAACAGATTACCTGTTTTGATTACTCTTGCTCATCTCTTATATCTTTAAAAGAAGCA
 901 -----+-----+-----+-----+-----+ 960
 AATGTTGTCTAATGGACAAAACCTAATGAGAACGAGTAGAGAATATAGAAATTTCTTCGT

 a L Q Q I T C F D Y S C S S L I S L K E A -
 b Y N R L P V L I T L A H L L Y L * K K Q -
 c T T D Y L F C L L L L I S Y I F K R S R -

 GGCGAAATGAAAAGAAGACTAAAGAAAGAGATTTCAAAATTTGTTGATTCTTCTGTAACC
 961 -----+-----+-----+-----+-----+ 1020
 CCGCTTTACTTTTCTTCTGATTTCTTTCTCTAAAGTTTAAACAACCTAAGAAGACATTGG

 a G E M K R R L K K E I S K F V D S S V T -
 b A K C K E D * R K R F Q N L L I L L * P -
 c R N E K K T K E R D F K I C C F F C N R -

 GGAATTAACAACAAGAATATTAGCAACGAAAAAGAAGAGCTATCACAATCCTGATTC
 1021 -----+-----+-----+-----+-----+ 1080
 CCTTAATTGTTGTTCTTATAATCGTTGCTTTTCTTCTCTCGATAGTGTAGGACTAAG

 a G I N N K N I S N E K E E E L S Q S C F -
 b E L T T R I L A T K K K K S Y H N P D S -
 c N * Q Q E Y * Q R K R R R A I T I L I L -

 TTAAAGATTTCAAAAATTCAGGTAAGAGAGATACATTCAATAAAATTCATATATTATAG
 1081 -----+-----+-----+-----+-----+ 1140
 AATTTCTAAAGTTTTTAAGGTCCATTCTCTCTATGTAAGTAATTTTAAGTATATAATATC

 a L K I S K I P G K R D T F I K I H I L * -
 b * R F Q K F Q V R E I H S L K F I Y Y S -
 c K D F K N S R * E R Y I H * N S Y I I V -

 TTTTTCATTTACAGCTGTTATTTTCTTTTATCTTAACAATATTTTTTGATTAGCTGGAA
 1141 -----+-----+-----+-----+-----+ 1200
 AAAAAAGTAAAGTTCGACAATAAAAGAAAATAGAATTGTTATAAAAAACTAATCGACCTT

 a F F I S Q L L F S F I L T I F F D * L E -
 b F S F H S C Y F L L S * Q Y F L I S W K -
 c F H F T A V I F F Y L N N I F C L A G S -

 GTAAAAAGTATCAAATAAGAGAAGCGCTAGACTGAGGTAACCTAGCTTATTCACATTCAT
 1201 -----+-----+-----+-----+-----+ 1260
 CATTTTTCATAGTTTATTCTCTTCGCGATCTGACTCCATTGAATCGAATAAGTGTAAGTA

 a V K S I K * E K R * T E V T * L I H I H -
 b * K V S N K R S A R L R * L S L F T F I -
 c K K Y Q I R E A L D C G N L A Y S H S * -

 AGATCGACCTTCATATATCCAATACGATGATAAGGAAACAGCAGTCATCCGTTTTAAAAA
 1261 -----+-----+-----+-----+-----+ 1320
 TCTAGCTGGAAGTATATAGGTTATGCTACTATTCCTTTGTCGTCAGTAGGCAAAATTTT

 a R S T F I Y P I R C * G N S S H P F * K -
 b D R P S Y I Q Y D D K E T A V I R F K N -
 c I D L H I S N T M I R K Q Q S S V L K I -

 TAGTGCTATGAGGACTAAATTTTTAGAGTCAAGAAATGGAGCCGAAATCTTAATCAAAAA
 1321 -----+-----+-----+-----+-----+ 1380
 ATCAGGATACTCCTGATTTAAAAATCTCAGTTCTTTACCTCGGCTTTAGAATTAGTTTT

 a * C Y E D * I F R V K K W S R N L N Q K -
 b S A M R T K F L E S R N G A E I L I K K -
 c V L C G L N F * S Q E M E P K S * S K R -

FIG. 12
(CONTINUED)

GAATTGCGTCGATATTGCAAAAGAATCGAACTCTAAATCTTTCGTTAATAAGTATTACCA
 1381 -----+-----+-----+-----+-----+-----+ 1440
 CTTAACGCAGCTATAACGTTTCTTAGCTTGAGATTTAGAAAGCAATTATTCATAATGGT

a E L R R Y C K R I E L * I F R * * V L P -
 b N C V D I A K E S N S K S F V N K Y Y Q -
 c I A S I L Q K N R T L N L S L I S I T N -

ATCTTGATTGATTGAAGAGATTGACGAGGCAACTGCACAGAAGATCATTAAAGAAATAAA
 1441 -----+-----+-----+-----+-----+ 1500
 TAGAACTAACTAACTTCTCTAACTGCTCCGTTGACGTGTCTTCTAGTAATTTCTTTATTT

a I L I D C R D * R G N C T E D H * R N K -
 b S C L I E E I D E A T A Q K I I K E I K -
 c L D C L K R L T R Q L H R R S L K K * S -

GTAACCTTTTATTAATTAGAGAATAAACTAAATTACTAATATAGAGATCAGCGATCTTCAA
 1501 -----+-----+-----+-----+-----+ 1560
 CATTGAAAATAATTAATCTCTTATTTGATTTAATGATTATATCTCTAGTCGCTAGAAGTT

a V T F I N * R I N * I T N I E I S D L Q -
 b * L L L I R E * T K L L I * R S A I F N -
 c N F Y * L E N K L N Y * Y R D Q R S S I -

TTGACGAAATAAAAGCTGAACTAAAGTTAGACAATAAAAAATACAAACCTTGGTCAAAAT
 1561 -----+-----+-----+-----+-----+ 1620
 AACTGCTTTATTTTCGACTTGATTTCATCTGTATTTTTTATGTTTGAACCAAGTTT

a L T K * K L N * S * T I K N T N L G Q N -
 b C R N K S C T K V R Q * K I Q T L V K I -
 c D E I K A E L K L D N K K Y K P W S K Y -

ATTGAGGAAGGAAAAGAAGACCAGTTAGCAAAAGAAAAATAAGGCAATAAATAAAATGA
 1621 -----+-----+-----+-----+-----+ 1680
 TAACTCCTTCCTTTTCTTCTGGTCAATCGTTTCTTTTTTATCCGTTATTTATTTTACT

a I E E G K E D Q L A K E K I R Q * I K C -
 b L R K E K K T S * Q K K K * G N K * N E -
 c C G R K R R P V S K R K N K A I N K M S -

GTACAGAAAGTGAAGAAATAAAAGATTTATTTTTTTCAATAATTTATTGAAAAGAGGGGTT
 1681 -----+-----+-----+-----+-----+ 1740
 CATGCTTCACTTCTTTATTTTCTAAATAAAAAAGTTATTAAATAACTTTTCTCCCCAA

a V Q K C R N K R F I F F N N L L K R G V -
 b Y R S E E I K D L F F S I I Y C K E G F -
 c T E V K K * K I Y F F Q * F I E K R G F -

TTGGGGTTTGGGGTTTGGGG
 1741 -----+-----+----- 1762
 AACCCCAAACCCCAAACCC

a L G F W G F G -
 b W G F G V L G -
 c G V L G F W -

FIG. 12
 (CONTINUED)

798 EKLINVSRENGFKFNMKK.LQTSFPLSPSKFAKYGMDSVEEQNIVQDYCD 846
 577PGDELRPSMQKLLQEKGLGGG..TDFPYECIDEWTKNKTTHVD 617
 847 WIGISIDMKTLALMPNINLRIEGILCTNLNMQTKKASMWLKKKLKSFLM 896
 618 NIVILSDMMIAEGYSINVRGSSIVNSI.....KKYKDEVN 653
 897 NNITHYFRKTITTEDFANKTLNKLFISSGGYKYMQCAKEYKD.HFKKNLAM 945
 654 PNIKIF...AVDLEGYK.....KCLNLGDEFNENNYIKIFGM 687
 946 SSMIDLEVSKIIYSVTRAFFKYLVCNIKDTIFGEEHYPDFFLSTLKHFI 995
 688 SDSI.....LKFISAKQGA.....NMVE 706
 996 IFSTKKYIFNRVC 1008
 707 VI..KNFALQKIG 717

FIG. 13
(CONTINUED)

132 LSTQKQYFFQDEWNQVRAMIGNEL.FRHLYTKYLIFQRTSE..GTLVQFC 178
 1 MSRRNQ.....KKPQAPIGNETNLDVFLQNLVYKYSQIEHYKTQQQQI 43
 179 GNNVFDHLKVNDKFDKKQKGAADMNEPRCCSTCKYNVKNKDHFLNNIN 228
 44 KEEDLKLKFKNQDQDGNNGNDDDEE.....NNSNKQOELLRRVN 84
 229 VPNNWNMKSRTTRIFYCTHFNRRNQFFKKHEFVSNNKNNISAMDRAQTIFTN 278
 85QIKQVQLIKK...VGSKEVDLNLNEDENKKN 114
 279 IFRFNIRKKLKDVKIEKIAMLEKVKDFNFNYLTKSCPLPENWRERKQ 328
 115 GLSEQQVKEEQRLTITEEQVKYQNLVFNMDYQLDLNESGGHRRHRRETDY 164
 329 KIENLINKTREESKYEEELFSYTTDNKCVTQFINE.FFYNILPKDFTLG 377
 165 DTEKWFEISHDQK.....NYVSIYANQKTSYCWWLKDYFNK 200
 378 RNRKNFQKKVKYVELNKHLEIHNLLLEKINTREISWMQVETSAKHFY 427
 201 NNYDHLNVSINRLE..TEAEFYAFDDFSQTIKLTNNSYQTVNID..... 242
 428 FDHENIYVLWKLRLWI..FEDLVVSLIRCFYVTEQQKSYSKTYYYRKNI 475
 243 VNFDNNLCILALLRFLSLERFNILNIRSSY..TRNQYNFEKIGELLETI 290
 476 WDVIMKMSIADLKKETLAEVQKEVEEWKSLGFAPGKLRLIPKKTTFRP 525
 291 FAVVFSHR.....HLQGIHLQVPCEAFQYLVNSSSQISVKDSQLQ 330
 526 IMTFNKKIVNSDRKTKLTNTNKLNSHMLKTLKNRMFKDPFGFAVFNY 575
 331 VYSFSTDCLKLVD..TNKVQDYFKFLQEFPRLTHVSQQAIPVSATNAVENL 378

FIG. 14

576 DDVMKKYEEFVCKWKQVGQPKLF.FATMDIEKCYDS..VNREK 615
 :.:|| :. | | :.:| :.:| :.:| :.:|
 379 NVLLKKVKH ANLNLVSIPTQFNFDYFVNLQHLKLEFGLEPNILTKQK 426
 516 LSTFL.....KTTKLLSSDFWIMTAQILKRKNNI..VIDSKNFRKKEMK 657
 |...| |. :| | :. | | |. : ... | : : : :
 427 LENLLLSIKQSKNLKFLRLNFYTYVAQETSRKQILKQATTIKNLKNKNQ 476
 558 DYFRQKFQKIALEGGQYPTLFSVLEN..EQNDLNAKKT LIVEAKQRNYFK 705
 . . . : | | | : : : : : : : | |
 477 EETPETKDETPSESTSGMKFFDHLSELTELEDFSVN....LQATQEIY.. 520
 706 KDNLLQPVINICQYNYINFNGKFYKQTKGIPQGLCVSSILSSFYATLEE 755
 | | | | :. : : : | | : :
 521 .DSLHKLLIRSTNLKKFKLSYKYEMEKSKMDTFIDLKNI.....YETLNN 564
 756 SSLGFLRDESMNPENPNVNLMLRLTDDYLLITQENNAVL FIEKLINVS 305
 | : | | : | : | : : : : : : : | |
 565LKRCSVNISNPHGNISYELTN.....KDSTFYKFKLTNLNQE 500
 806 ENGFKFNMKKLQTSFPLSPSKFAKYGMDSVEEQNIVQDYCDWIGISIDMK 855
 | : : | | : : : | | : : : : : : : : : :
 601 LQHAKYTFK..QNEFQFNNVKSAKIESSSLESLEDIDSLCKSIASCKNLQ 648
 856 TLALMPNINLRIEGILCTLNLMQT..KKASMWLKK..KLKSFLMNNITH 901
 : : : | : : : | : : : | : : : | : : : | :
 649 NVNI.....IASLLYPNNIQKNPFNKPNLLFFKQFEQLKNLENVSINC 691
 902 YFRKTI...TTEDFANKTLNKLFISSGGYKYMQCAKEYKDHFKNLAMSSM 948
 . : . | : : : | | | : : : : : | : : : :
 692 ILDQHILNSISEFLEKNKKIKAFILKRYLLQYVLDYTKLFTLQQLPEL 741
 949 IDLEVSKIIYSVT.....RAFFKYLVCNIKDT..IFGEEHY 982
 : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
 742 NQVYINQOLEELTVSEVHKQVWENHKQAFYEPLCEFIKESSTLQLIDF 791
 983 PDFFLS TLKHFIETSTKKY IFNRVCMILKAKEAKLKSDQCQSLIQ 1028
 . : : | : : : | : : : | : : : | : : : | : :
 792 DQNTVSDDSIKKILESISESKYHHVRLNPSQSSSLIKSENEEIQELLK 840

FIG. 14
(CONTINUED)

4 DIDLDDIENLLPNTFNKYSSSCSDKKGCKTLKSGSKSPSLTIPK..... 47
 :.: .| | :.: :.:| | :.:| | :.:| | :.:| |
 617 NVKSAKIESSSLESLEDIDSLCKSIASCKNLQNVNIIASLLYPNNIQKNP 666
 48LQKQLEFYFSDANLYNDSFLRKLVLKSQEQRVE....IETLLM 86
 : | : | . . . | : : : | : | : : : | : : : :
 667 FNKPNLLFFKQFEQLKNLENVSINCLDQHILNSISEFLEKNKKIKAFIL 716

FIG. 15

+

FIG. 19

telomerase p43 LQKQLEFYFSDANLYNDSFLRKVLVLSGGEQRVEIETLLM
human La ICHQUEYYFGDFNLPRDKFLKEQI.KLDEGWMPLIMIK
Xenopus LaA ICEQIEYYFGDHNLPDKFLKQOI.LLDDGWMPLETMIK
Drosophila La ILRQVEYYFGDANLNDRKFLREQIGKNEDGWMPLSVLVT
S. c. Lhp1p CLKQVEFYFSEFNFPYDRFLRTAEK.NDGWVPISTIAT

FIG. 18

1	aactcatttta	attactaatt	taatcaacaa	gattgataaa	aagcagtaaa	taaaacccaa
61	tagattttaat	ttagaaaagta	tcaattgaaa	aatggaaatt	gaaaacaact	aagcacaaata
121	gccaaaagcc	gaaaaatttgt	ggtgggaact	tgaattagag	atgcaagaaa	accaaaatga
181	tatataagtt	agggttaaga	ttgacgatcc	taagcataag	ctcgtgaacg	tcactgcagc
241	atgtttgttg	taggaaggta	gttactacta	agataaagat	gaaagaagat	atatcatcac
301	taaaagcactt	cttgagggtg	ctgagttctga	tcctgagttc	atctgctagt	tggcagttcta
361	catccgtaat	gaactttaca	tcagaactac	cactaactac	attgtagcat	tttgtgttgt
421	ccacaagaat	actcaaccat	tcatcgaaaa	gtactttcaac	aaagcagttac	ttttgcttaa
481	tgacttactg	gaagttctgt	aaattgcata	ggtttctctat	atttttgatg	cacttgaatt
541	caaaaatttgg	tatcttgata	ggataactttc	ataagatatt	cgtaagggaac	tcactttccg
601	taagtgttta	caaagatgcg	tcagaagcaa	gttttctgaa	ttcaacgaat	actaacttgg
661	taagtattgc	actgaatcct	aacgtaagaa	aacaattgttc	cgttacctct	cagttaccaa
721	caagtaaaaag	tgggattaaa	ctaagaagaa	gagaaaaagag	aatctcttaa	ccaaacttta
781	ggcaataaag	gaactctgaag	ataagtccaa	gagagaaact	ggagacataa	tgaacgttga
841	agtgcaatc	aaggctttaa	aaccagcagt	tatgaagaaa	atagccaaga	gatagaatgc
901	catgaagaaa	cacatgaagg	cacttaaaat	tcctaactct	accttggaat	caaagttact
961	gaccttcaag	gatctcatta	agttctgcca	tattttctgag	cctaagagaaa	gagttctata
1021	gacctcttgg	aaaaataacc	ctaagaccga	agagaaaatac	aaagcagcct	ttgggtgattc
1081	tgcattctgca	cccttcaatc	ctgaatttgc	tgggaaagcgt	atgaagattg	aaatctctaa
1141	aacatgggaa	aatgaactca	gtgcaaaagg	caacactgct	gagggtttggg	ataattttaat
1201	ttcaagcaat	taactcccat	atatggccat	gttacgtaac	ttgtctaaac	tcttaaaagc
1261	cggtgtttca	gatactacac	actctattgt	gatcaacaag	atttgtgagc	ccaaggccgt
1321	tgagaactcc	aagatgtttc	ctcttcaatt	ctttagtgc	attgaagctg	ttaatgaagc
1381	agttactaag	ggattcaagg	ccaagaagag	agaaaatatg	aatcttaaag	gtcaaatcga
1441	agcagtaaag	gaagttgttg	aaaaaaccga	tgaagagaag	aaagatatgg	agttggagta
1501	aaccgaagaa	ggagaatttg	ttaaagtcaa	cgaaggaatt	ggcaagcaat	acattaaact
1561	cattgaactt	gcaatcaaga	tagcagttaa	caagaatttta	gatgaaatca	aaggacacac
1621	tgcaatcttc	tctgatgttt	ctggtttctat	gagtaacctca	atgtcagggtg	gagccaagaa
1681	gtatggttcc	gttcgtactt	gtctcgagtg	tgcattagtc	cttgggtttga	tggtaaaata
1741	acgttgtgaa	aagttcctat	tctacatctt	cagttcacct	agttctcaat	gcaataagtg
1801	ttacttagaa	gttgatctcc	ctggagacga	actccgtcct	tctatgtaaa	agcttttgcga
1861	atagaaagga	aaacttgttg	tgtgattctga	tttccctat	gagtgcatgt	atgaatggac
1921	aaagaataaaa	actcacgtag	acaatatcgt	tattttgtct	gatatgatga	ttgcagaagg
1981	atattcagat	atcaatgtta	gaggcagttc	cattgttaac	agcatcaaaa	agtacaagga
2041	tgaagttaat	cctaacatta	aaactctttc	agttgactta	gaaggttacg	gaaagtcgct
2101	taatctaggt	gatgagttca	atgaaaacaa	ctacatcaag	atattcggta	tgaagcattc
2161	aatcttaaag	ttcatttcag	ccaagcaagg	aggagcaaat	atggtcgaag	ttatcaaaaa
2221	ctttgccctt	caaaaaatag	gacaaaagtg	agtttcttga	gattcttcta	taacaaaaat
2281	ctcaccacac	ttttttgttt	tattgcatag	ccattatgaa	atttaaatta	ttatctattt
2341	atttaagtta	cttcatatgt	ttatgtatcg	cagttctatta	gcctattcaa	atgattctgc
2401	aaagaacaaa	aaagattaaa	a			

+

	Motif A	Motif B
Consensus	h--h D h---h--h	h----- Q G----- S P
telomerase p123	GQPKLFFAT MD IEKCYDSVNREKLS T FLK T TKLL-100-KFYKQ T KGI P Q GLCV S SILSSFYATLEESSIGFL	
Dong (LINE)	KNRNLHCT Y D D YKKA F DSIPH S WLIQVLEI Y KIN-28-RQIAIKKGI Y Q GD S L P W F CLALN P L S HQ L HNDR	
a1 S.c. (groupII)	FGGSNW F RE V DLKKCFDTIS H DLIIKELK R YISD-26-HVPVGRV C V Q G A PT S PALCN A VLRLDRRL A GLA	
HIV-RT	LKKK S VT V L D VGD A Y F SVPLD E DFRKY T A T IP-7-GIRYQYN V L P Q GWKG S PA F QSSMTKILE P FR K Q N	
L8543.12	VL P ELY F MK F D V K S CYDSIPR N ECMRILKD A LKN-68-KCYIRE D GL F Q G S SL S APIVDLVYDDLL E FY S E F K	
	Motif C	Motif D
Consensus	h--Y n D D h h h	h-h-- K
telomerase p123	-14-LMRL T D D YLL L IT T Q E NN-0-AVL F IEK L IN V SREN G FK F N M K L Q T -23-QDYCD W I G I S I	h-h L gh-h
Dong (LINE)	-16-HL I Y M D D IK L YAKNDKE-0-MKKLID T TT I F S ND I SMQ F GLD K CK T -25-KCLYK V L G F Q Q	
a1 S.c. (groupII)	-55-YVR Y AD D ILIGVLGSKN-2-KI I KRD L NN F LN S .L G LT I NEEK T LI-4-ET P AR F L G Y N I	
HIV-RT	-4-IYQ Y M D D LYVGS H LEIG-1-HRTKIEELRQHL R WGL T TPDK K HQ K -0-EP P FL M W G Y E L	
L8543.12	-8-ILKL A D D FL I ISTDQ QVINIKKL A MG F QKY N A K ANR-41-IRSK S K G I F R	

FIG. 17

+

+

19/59

MEIENNQAQQPKAEKLWWELELEMQENQNDIQVRVKIDDPKQYL
 VNVTAACLLQEGSYQDKDERRYIITKALLEVAESDPEFICQLA
 VYIRNELYIRTTTNYIVAFVVKHNTQPFIEKYFNKAVLLPNDL
 LEVCEFAQVLYIFDATEFKNLYLDRILSQDIRKELTRKCLQRC
 VRSKFSEFNEYQLGKYCTESQRKKTMTFRYLSVTNKQKWDQTKKK
 RKENLLTKLQAIKESDKSKRETGDIMNVEDAIKALKPAVMKKI
 AKRQONAMKKHMKAPKIPNSTLESKYLTFKDLIKFCHISEPKERV
 YKILGKKYPKTEEEYKAAFSDSASAPFNPPELAGKRMKIEISKTW
 ENELSAKGNTAEVWDNLISSNQLPYMAMLRNLSNLIKAGVSDTT
 HSIVINKICEPKAVENSKMFPLOFFSAIEAVNEAVTKGFKAKKR
 ENMNLKGQIEAVKEVVEKTDEEKKDMELEQTEEGEFVKVNEGIG
 KQYINSIELAIKIAVNKNLDEIKGHTAIFSDVSGSMSTSMSSGA
 KKYGSVRTCLECALVLGLMVQRCESKFYIFSSPSSQCNKCYL
 EVDLPGDELPSMQKLLQEKGLGGGTDFPYECIDEWTKNKTHV
 DNIVILSDMMIAEGYSDINVRGSSIVNSIKKYKDEVNPNIKIFA
 VDLEGYGKCLNLGDEFNENNYIKIFGMSDSILKFIKQGGANM
 VEVIKNFALQKIGQK

FIG. 20

MSRRNQKKPQAPIGNETNLDFVLQNLLEVYKSQIEHYKTQQQIK
 EEDLKLKFKNQDQDGNNGNDDDEENNSNKQOELLRRVNQIKQ
 QVQLIKKVGSKVEKDLNLNEDENKKNGLSEQQVKEEQLRITTEE
 QVKYQNLVFNMDYQLDLNESGGHRRHRETQDYDTEKWFELSHDQ
 KNYVSIYANQKTSYCWWLKDYFNKNNDHLNVSINRLETEAEFY
 AFDDFSQTIKLTNNSYQTVNIDVNFNNLCILALLRFLLSLERF
 NILNIRSSYTRNQYNFEKIGELLETFIFAVVFSHRHLQGIHLQVP
 CBAFYLVNSSSQISVKDSLQVYSFSTDLKLVDTNKVQDYFKF
 LQEFPRLTHVSQQAIPVSATNAVENLNVLLKKVKHANLNLVSIP
 TQFNFDYFVNLQHLKLEFGLPNILTKQKLENLLSISQSKNL
 KFLRLNFYTYVAQETSRKQILQATTIKNLKNNKNEETPETKD
 ETPSESTSGMKFFDHLSELTELEDFSVNLQATQEIYDSLHLLI
 RSTNLKKFKLSYKEMEKSMDTFIDLKNIYETLNNLKRCVNI
 SNPHGNIISYELTNKDSTFYKFKLTNLQELQHAKYTFKQNEFQFN
 NVKSAKIESSLESLEDIDSLCKSIASCKNLQNVNIIASLLYPN
 NIQKNPFNKPNLLFFKQFEQLKNLENVINCILDQHILNSISEF
 LEKNKKIKAFILKRYLLQYLDYTKLFTLQQLPELNQVYINQ
 QLEELTVSEVHKQVWENHKQKAFYEPLCEFTKESSQTLQIDFD
 QNTVSDDSIKKILESISESKYHHYLRNPSQSSSLIKSENEEIQ
 ELLKACDEKGVLVKAYYKFPLCLPTGTYDYNSDRW

FIG. 22

MKILFEFIQDKLDIDLQTNSTYKENLKC GFHNGLDEILTTCFAL
 PNSRKIALPCLPGDLSHKAVIDHCIIYLLTGELYNNVLTFGYKI
 ARNEDVNNSLFCHSANVNVTLKGAAWKMFHSLVGTAYFVDLLI
 NYTVIQFNGQFFTQIVGNRCNEPHLPPKWVQSSSSSATAAQIK
 QLTEPVTNKQFLHKLNNINSSSFFPYSKILPSSSSSIKLTDLREA
 IFPTNLVKIPQRLKVRINLTQKLLKRHKRLNVVSILNSICPPL
 EGTVLDSLHLSRQSPKERVLFIIIVILQKLLPQEMFGSKKNKGK
 IIKNLNLLLSLPLNGYLPFDSLLKKLRLKDFRWLFISDIWFTKH
 NFENLNQLAICFISWLFRLIPKIIQTFYCYTEISSTVTIVYFR
 HDTWNKLITPFIVEYFKTYLVENNVCRNHSYTLNHNHSMRI
 IPKKSNNEFRIIAIPCRGADEEFTIYKENHKNAIQPTQKILEY
 LRNKRPTSFTKIYSPTQIADRIKEFKQRLKKFNNVLPPELYFMK
 FVDKSCYDSIPRMECMRILKDALKNENGFFVRSQYFFNTNTGVL
 KLFNVVNASRVKPYELYIDNVRTVHLSNQDVINVVEMEIFKTA
 LWVEDKCYIREDGLFQSSSLAPIVDLVYDDLLEFYSEFKASPS
 QDTLILKLADDFLIISTDQQQVINIKKLAMGGFQKYNKANRDK
 ILAVSSQDDDTVIQFCAMHIFVKELEVWKHSSTMNMFHRSKS
 SKGIFRSLIALFNTRISYKTIDTNLSTNTVLMQIDHVKNISE
 CYKSAFKDLSINVTQNMQFHSFLQRIIEMTVSGCPITKCDPLIE
 YEVFTILNGFLESLSNNTSKFKDNIILLRKEIQHLQAYIYIYI
 HIVN

FIG. 23

+

0976653 082004

1 tcaatactat taattaataa ataaaaaaaa gcaaaactaca aagaaaatgt caaggcgtaa
 61 ctaaaaaaaa ccataggctc ctataggcaa tgaacaaaat cttgattttg tattacaaaa
 121 tctagaagtt tacaaaaagcc agattgagca ttataagacc tagtagtaat agatcaaaga
 181 ggaggatctc aagcttttaa agttcaaaaa ttaagattag gatggaaact ctggcaacga
 241 tgatgatgat gaagaaaaca actcaataaa ataataagaa ttattaagga gagtcaatta
 301 gattaagtag caagttaaat tgataaaaaa agttggttct aaggtagaga aagatttgaa
 361 tttgaacgaa gatgaaaaca aaaagaatgg actttctgaa tagcaagtga aagaagagta
 421 attaagaacg attactgaag aataggttaa gtattaaaaa ttagtattta acatggacta
 481 ccagttagat ttaaatgaga gtggtggcca tagaagacac agaagagaaa cagattatga
 541 tactgaaaaa tgggtttgaaa tatctcatga ccaaaaaaat tatgtatcaa ttacgccaa
 601 ctaaaagaca tcatattggt ggtggcttaa agattatttt aataaaaaaca attatgatca
 661 tcttaatgta agcattaaca gactagaaac tgaagccgaa ttctatgcct ttgatgattt
 721 ttcacaaaaca atcaaacctta ctaataatct ttactagact gttaacatag acgttaattt
 781 tgataataat ctctgtatct tctgattgct tagattttta ttatcactag aaagattcaa
 841 tattttgaaat ataagatctt cttatacaag aaattaatat aattttgaga aaattgggtga
 901 gctacttgaa actatcttcg cagttgtctt ttctcatcgc cacttacaag gcattcattt
 961 acaagttcct tgcgaaagcg tctaataatt agttaactcc tcatacataa ttacgcgttaa
 1021 agatagctaa ttatagggtat actctttctc tacagactta aaattagttg acactaacia
 1081 agtccaagat tatttttaagt tcttataaga attccctcgt ttgactcatg taagctagta
 1141 ggctatccca gttagtgtca ctaacgctgt agagaacctc aatgttttac ttaaaaagggt
 1201 caagcatgct aatcttaatt tagtttctat ccctacctaa ttcaattttg atttctactt
 1261 tgtaatttta taacatttga aattagagtt tggattagaa ccaaatattt tgacaaaaca
 1321 aaagcttgaa aatctacttt tgagtataaa ataatacaaa aatcttaaat ttttaagatt
 1381 aaacttttac acctacgttg cttagaagaa ctccagaaaa cagatattaa aacaagctac
 1441 aacaatcaaa aatctcaaaa acaataaaaa tcaagaagaa actcctgaaa ctaaaagatga
 1501 aactccaagc gaaagcacaa gtggtatgaa attttttgat catctttctg aattaaccga
 1561 gcttgaagat ttcagcggtta acttgtaagc tacccaagaa atttatgata gcttgacaa
 1621 acttttgatt agatcaacaa atttaaagaa gttcaaatta agttacaat atgaaatgga
 1681 aaagagtaaa atggatacat tcatagatct taagaatatt tatgaaacct taaacaatct
 1741 taaaagatgc tctgttaata tatcaaatcc tcatggaac atttcttatg aactgacaaa
 1801 taaagattct actttttata aatttaagct gaccttaaac taagaattat aacacgctaa
 1861 gtatactttt aagtagaacg aatttttaatt taataacggt aaaagtgcaa aaattgaatc
 1921 ttctcatta gaaagcttag aagatattga tagtctttgc aaatctattg cttcttgtaa
 1981 aaattttaca aatgtttaata ttatcgccag tttgctctat cccaacaata tttagaaaaa
 2041 tccttttcaat aagcccaatc ttctattttt caagcaattt gaataattga aaaatttgga
 2101 aaatgtatct atcaactgta ttcttgatca gcatatactt aattctattt cagaattctt
 2161 agaaaagaat aaaaaaataa aagcattcat tttgaaaaga tattatttat tacaatatta
 2221 tcttgattat actaaattat ttaaaacact tcaatagtta cctgaattaa attagttta
 2281 cattaattag caattagaag aattgactgt gagtgaagta cataagtaag tatgggaaaa
 2341 ccacaagcaa aaagctttct atgaaccatt atgtgagttt atcaaagaat catcctaaac
 2401 cctttagcta atagattttg accaaaacac tgtaagtgat gactctatta aaaagatttt
 2461 agaattctata tctgagtcta agtatcatca ttatttgaga ttgaacccta gttaatctag
 2521 cagtttaatt aaatctgaaa acgaagaaat ttaagaactt ctcaaagctt gcgacgaaaa
 2581 aggtgtttta gtaaaagcat actataaatt ccctctatgt ttaccaactg gtacttatta
 2641 cgattacaat tcagatagat ggtgattaat taaatattag tttaaataaa tattaatat
 2701 tgaatatttc tttgcttatt atttgaataa tacatacaat agtcattttt agtgttttga
 2761 atatatttta gttatttaatt tcattatttt aagtaataaa ttatttttca atcatttttt
 2821 aaaaaatcg

FIG. 21

+

21/59

Oxytricha
Euplotes

LCVSYILSSFYYANLEENALQFLRKESMDPEKPETNLLMRLT
LCVSSILSSFYYATLESSLGFLRDESMNPENPNVNLMLRLT

FIG. 24

ATTTATACTCATGAAAATCTTATTCGAGTTCATTCAAGACAAGCTTGACATTGATCTACA
GACCAACAGTACTTACAAAGAAAATTTAAAATGTGGTCACTTCAATGGCCTCGATGAAAT
TCTAACTACGTGTTTCGCACTACCAAATTCAGAAAAATAGCATTACCATGCCTTCCTGG
TGACTTAAGCCACAAAGCAGTCATTGATCACTGCATCATTTACCTGTTGACGGGCGAATT
ATACAACAACGTACTAACATTTGGCTATAAAATAGCTAGAAATGAAGATGTCAACAATAG
TCTTTTTTGGCATTCTGCAAATGTTAACGTTACGTTACTGAAAGGCGCTGCTTGGAAAAAT
GTTCCACAGTTTGGTCGGTACATACGCATTCGTTGATTTATTGATCAATTATACAGTAAT
TCAATTTAATGGGCAGTTTTTCACTCAAATCGTGGGTAACAGATGTAACGAACCTCATCT
GCCGCCCAAATGGGTCCAACGATCATCTCATCATCCGCAACTGCTGCGCAAATCAAACA
ACTTACAGAACCAGTGACAAATAAACAATTCCTTACACAAGCTCAATATAAATTCCTCTTC
TTTTTTTCCCTTATAGCAAGATCCTTTCCTTCATCATCATCTATCAAAAAGCTAACTGACTT
GAGAGAAGCTATTTTTCCCAAAATTTGGTTAAAATTCCTCAGAGACTAAAGGTACGAAT
TAAATTTGACGCTGCAAAAGCTATTAAAGAGACATAAGCGTTTGAATTACGTTTCTATTTT
GAATAGTATTTGCCCCACCATTGGAAGGGACCGTATTGGACTTGTGCGATTTGAGTAGGCA
ATCACCAAAGGAACGAGTCTTGAAATTTATCATTGTTATTTTACAGAAGTTATTACCCCA
AGAAATGTTTGGCTCAAAGAAAAATAAAGGAAAAATATCAAGAATCTAAATCTTTTATT
AAGTTTACCTTAAATGGCTATTTACCATTTGATAGTTTGTGAAAAAGTTAAGATTAAA
GGATTTTCGGTGGTTGTTTCATTTCTGATATTTGGTTCACCAAGCACAAATTTGAAAACCT
GAATCAATTTGGCGATTTGTTTCATTTCTGCTGCTATTTAGACAACCTAATTCCTCAAAATAT
ACAGACTTTTTTTTACTGCACCGAAATATCTTCTACAGTGACAATTGTTTACTTTAGACA
TGATACTTGGAATAAACTTATCACCCCTTTTATCGTAGAATATTTTAAGACGTACTTAGT
CGAAAACAACGTATGTAGAAACCATAATAGTTACACGTTGTCCAATTTCAATCATAGCAA
AATGAGGATTATACCAAAAAAAGTAATAATGAGTTTCAGGATTATTGCCATCCCATGCGAG
AGGGGCAGACGAAGAAGAAATTCACAATTTATAAGGAGAATCACAAAAATGCTATCCAGCC
CACTCAAAAAATTTTGAATACCTAAGAAACAAAAAGCCGACTAGTTTACTAAAAATATA
TTCTCCAACGCAAAATAGCTGACCGTATCAAAAGAAATTTAAGCAGAGACTTTTAAAGAAAT
TAATAATGTCTTACCAGAGCTTTATTTTCATGAAATTTGATGTCAAATCTTGCTATGATTC
CATACCAAGGATGGAATGTATGAGGATACTCAAGGATGCGCTAAAAAATGAAAATGGGTT
TTTCGTTAGATCTCAATATTTCTTCAATACCAATACAGGTGTATTGAAGTTATTTAATGT
TGTTAACGCTAGCAGAGTACCAAAACCTTATGAGCTATACATAGATAATGTGAGGACGGT
TCATTTATCAAATCAGGATGTTATAAACGTTGTAGAGATGGAAATATTTAAAACAGCTTT
GTGGGTTGAAGATAAGTGCTACATTAGAGAAGATGGTCTTTTTTCAGGGCTCTAGTTTATC
TGCTCCGATCGTTGATTTGGTGTATGACGATCTTCTGGAGTTTATAGCGAGTTTAAAGC
CAGTCCTAGCCAGGACACATTAATTTTAAAACCTGGCTGACGATTTCTTTATAATATCAAC
AGACCAACAGCAAGTGATCAATATCAAAAAGCTTGCCATGGGCGGATTTCAAAAAATATAA
TGCGAAAGCCAATAGAGACAAAATTTTAGCCGTAAGCTCCCAATCAGATGATGATACGGT
TATTCAATTTTGTGCAATGCACATATTTGTTAAAGAATTGGAAGTTTGGAAACATTCAAG
CACAATGAATAATTTCCATATCCGTTTCGAAATCTAGTAAAGGGATATTTTCGAAGTTTAAAT
AGCGCTGTTTAACTAGAAATCTCTTATAAAACAATTGACACAAATTTAAATTCACAAA
CACCGTTCTCATGCAAAATTGATCATGTTGTAAAGAACATTTTCGGAAATGTTATAAATCTGC
TTTTAAGGATCTATCAATTAATGTTACGCAAAATATGCAATTTTCATTCGTTCTTACAACG
CATCATTGAAATGACAGTCAGCGGTTGTCCAATTACGAAATGTGATCCTTTAATCGAGTA
TGAGGTACGATTACCATATTGAATGGATTTTGGAAAGCCTATCTTCAAACACATCAAA
ATTTAAAGATAATATCATTCCTTTTGAGAAAGGAAATTCACACTTGCAAGC

FIG. 26

+

097653 08204

+

human		
tez1		
EST2		
p123		
	Motif 0	
	AKFLHMLMSVYVVELLRSPFFYVVTETTFQKNR	
	ISEIWLVLGKRSNAKMCLSDFEKKRQIFAEFIYWLYNSTFIPILOSFYFYTSSDRLNR	
	LKDFRMLFISD---IWFTKHNFNENLQLAICFISWLFRLPKIIQTFYCYCTEISSVT-	
	TREISWMQVET-SAKHFYFFDHEN-IYVLWKLRLRWIFEDLVVSLIRCFYVYVTEQQKSYSK	
	*** **	
	Motif 1	
human		
tez1		
EST2		
p123		
	LFFYRKSVWSKLSIGIRQHLKRVLQVDVSEAEVRQHREARPAALLTSRLRFPKP--DGL	
	TVYFRKDIWKLRCRPF-I-TSMKVEAFEKINENNVRMDTQK-TTLPFAVIRLLPKK--NTF	
	IVYFRHDTWNNKLITPFIYVYFKTYLVENNVCRNHSYTLS--NFNHSMRLIPKKSNNNEF	
	TYYYRKNINWDVIMKMSI-ADLKKEETLAEVQKEVEEWWKS-LGFAPGKRLRLPKK--TTF	
	*** **	
	Motif 2	
human		
tez1		
EST2		
p123		
	RPIVNM DYVVGARTFRREKRAERLT SRVKALF-SVLNYERA	
	RLITN-LRKRFLIKMGSKKMLVSTNQTLRPVASILKHLINEESSGIPFNLEVYMKLLTF	
	RIIAIPCRGADEEFTIYKENHNKNAIQPTQKILEYLRNKRPTSTTKIYSPQTQIADRIKEF	
	RPIMTFNKKIVNSDRKTTTKLTITNTTKLLNSHLMKTLKN-RMFKDPFGFAVFNYYDDVMKKY	
	* *	
	Motif 3 (A)	
tez1		
EST2		
p123		
	KKDLLKHRMFGR-KKYFVFRIDIKSCYDRIKQDLMFRIVKK-KLKQDEFVIRKYATIHATS	
	KQRLKKFNVLPELYFMKFDVKCYDSIPRMECMRILKD-ALKNENGFFVRSQYFFENTN	
	EEFVCKWKQVGQPKLFFATMDIEKCYDSVNREKLS TFLKTTKLLSSDFWIMTAQIILKRKN	
	* *	

FIG. 25

+

+

23/59

AKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKR
VQLRDVSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPVNM DYVVGARTFRREK
RAERLTSRVKALFSVLNYERA

FIG. 27

GCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTC
TTTCTTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTCTTACC
GGAAGAGTGTCTGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGAATCAGACAGCACATTGAAG
AGGGTGCAGCTGCGGGACGTGTCGGAAGCAGAGGTGAGGCAGCATCGGGAAGC
CAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGC
TGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGCCAGAACGTTCCGCAGA
GAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTTTCAGCGTGCT
CAACTACGAGCGGGCGCG

FIG. 28

MTEHHTPKSRILRFLENQYVYLC TLNDYVQLVLRGSPASSYSNICERLRS DVQTSFSIFLHSTVVG F
DSKPDEGVQFSSPKCSQSELIANVVQMFDSEFERRNLLMKGFSMNHEDFRAMHVNGVQNDLVSTF
PNYLISILESKNWQLLLEIIGSDAMHYLLSKGSIFEALPNDNYLQISGIPLFKNNVFEETVSKKRKR
TIETSITQNK SARKEVSWNSISISRFSIFYRSSYKKFKQDLYFNLHSICDRNTVHMWLQWIFPRQFG
LINA FQVKQLHKVIPVLSQSTVVPKRLLKVYPLIEQTAKRLHRISLSKVYNHYCPYIDTHDDEKILS
YSLKPNQVFAFLRSILVRVFPKLIWGNQRIFEIILKDLETFLKLSRYESFSLHYLMSNIKISEIEWL
VLGKRSNAKMCLSDFEK RKQIFAEFIYWLYNSFIIPI LQSFFYITESSDLRNRTVYFRKDIWKLLCR
PFITSMKMEAFEKINENNVRMDTQKTTLPPAVIRLLPKKNTFRLITNLKRFLIKMGSNNKMLVSTN
QTLRPVASILKHLINEESSGIPFNLEVYMKLLTFKKDLLKHRMFGRKKYFVRIDIKSCYDRIKQDLM
FRIVKKKLDPEFVIRKYATIHATSDRATKNFVSEAFSYFDMVPFEKVQLLSMKTSDTLFVDFVDY
WTKSSSEIFKMLKEHLSGHIVKIGNSQYLQKVGIPQGSILSSFLCHFYMEDLIDEYLSFTKKKGSVL
LRVDDFLFITVNKKDAKKFLNLSLRGF EKHNFTSLEKTVINFENSNGIINNTFFNESKKRMPFFG
FSVNM RSLDTLLACPKIDEALFNSTSVELTKHMGKSFFYKILRSSLASFAQVFIDITHNSKFNSCCN
IYRLGYSMCMRAQAYLKRMDIFIPQRMFITDLLNVIGRKIWKKLAEILGYTSRRFLSSAEVKWLFC
LGMRDGLKPSFKYHPCFEQLIYQFQSLTDLIKPLRPVLRQVFLHRRRIAD

FIG. 29

+

0976663 02004

FIG. 30

FIG. 30

TTCTTACTTTTAAGAAGGATCTTCTTAAGCACCGAATGTTGGGtaattatataaatgcgcaattcctcattatttaattt
gcagCGCTAAGAAGTAATTTGTACGGATAGATATAAAATCTGTTATGATCGAATAAAGCAAGATTTGATGATGTTTCGGATT
GTTAAAAGAAACTCAAGGATCCCGAATTTGTAATTCGAAAGTATGCAACCATACATGCAACAAGTGACCGAGCTACAAA
AACTTTGTTAGTGAGCGTCTTCTTCCATTGtaagttattttttcattcggaaatttttaacaaattccttttagTTGAT
ATGGTCCCTTTTGAAAAGTCGTGCAGTTACTTTCTATGAAAACATCAGATACTTTTGTGTTGTGATTTTGTGGATTATTG
GACCAAAAGTTCTTCTGAAATTTTAAATGCTCAAGGAACATCTCTGACACATTTGTAAGTataaccaatttgttga
attgtaataaacacataatgaacctagATAGGAAATTTCTCAATACCTTCAAAAAGTTGGTATCCCTCAGGGCTCAATTTCTGT
CATCTTTTGTGTCATTTCTATATGGAAGATTGATTGATGAATACCTATCTGTTTACGAAAAGAAAGGATCAGTGTG
TTACGAGTAGTCGACGATTTCTCTTTAATACAGTTAATAAAAGGATGCAAAAAATTTTGAATTTATCTTTAAAGAG
tgagtgtgtcattcctaagttctaaccgttgaagGATTTGAGAAACACAAATTTTAAATGAAGCAAGAAAGAAATGCCATTTCTCGGTTT
ATAAACTTTGAAAATAGTAATGGGATAATAACAATCTTTTAAATGAAGCAAGAAAGAAATGCCATTTCTCGGTTT
CTCTGTGAACATGAGGTCTCTTGATACATTTGTAGCATGTCCTAAATTTGATGAAGCCTTATTAACTCTACATCTGTAG
AGCTGACGAAAACATATGGGAAATCTTTTTCACAAATTTCTAAGgtatactgtgtaactgaaataaataagctgacaaata
atcagATCGAGCCTTGCACTCTTTGACAAAGTATTATTGATGATACCTACCCACAAATTCAAAATTCATTTCTTGTGCAATAT
ATATAGGCTAGGATACCTATGTTGATGAGACACAAGCATACTTAAAGGATGAAGGATATATTATTTCCCAAGAA
TGTTCAATAACGGgtagtaacttattttaactagaaaaagtcatttaaaccttagATCTTTTGAATGTTTAAATGTTGGAAGAA
AATTTGGAATAAGTTGCCGAAATATTAGGATATACGATAGGCGTTTCTTGTCTCTGCAGAAAGTCAAAATGgtacgtgt
TATCATCCATGCTTCGAACAGCTAATAACCAATTTCACTGATCTTATCAAGCCGCTAAGACCCAGTTTTCGCG
ACAGGTGTTATTATTACATAGAAGAAATAGCTGATTAATgtcattttcaatttatatacatcctttattacttggtgtc
ttaaacaaatatattactaagtatagctgaccccccaagcagcatactataggatttctagtaaaagtataaataatc
gttattagttttgattgactgtctttatccttatacttttaagaaagattgacagtggttgctgactactgccccacatg
cccatataacgaggagtgttaaacattaaagtaatacatagggtaactcctccttcattagaataaggaaagtgtgtt
tctataatgaataatgccgcactaatgcaaaaagacgaagattatcttctaaacaaggggtttagcatatccgaagg
aaaagagagtaatataccagtggtgttgaagaaagcaaggataatttggaacaagcttctgcagatgacaggtctaaatt
ttggtgacccaattttgttaaaagccccaggttatccatggtggccgcttgctactgagacgaaaaaactaaggat
agtttgaataactaataagctcatataatgtcttatataaggttttgttttctcctgacttcaattttgcatgggtgaaaag
aaataggtttaagccattattggattccgaaatagccttttgggttccctcaagcggaagtctaaagaaacttatg
aagcttatagggttcaaaaactcctcctgatttaaggaggaaatcttccaccgatgaggaatggatagctttatcagct
gctgaggagaagcctaatttttgcataaaagaaatatcatatgggagacatccttggatgaatcagatcgaggagat
ctccagcggtccttgatgtcaataaacttctattctgaaatgtatgggtcctactgtcgttcgacttctcgtagctcta
cgcagttaagtgaaccaaagggtacc

FIG. 30
(CONTINUED)

+

EST2 pep	FFYCTEISST	VTIVYFRHDT	WN----	KLIT	P-----	FIVE	YFK-TYLVEN	40
Euplotes pep	FFYVTEQOKS	YSKTYYYRKN	IWDVI-MKMS	IAD----	LKK	ETLA--	EVQE	43
Trans of tetrahymen	-----KHKE	GSQIFYRKP	IWKLVSKLTI	VKVRIQFSEK	NKQMKNNFYQ			44
Consensus	FFY.TE..K.	.S..YYRK.	IW....	KL..	F..KV..	50
EST2 pep	NVCRNHNSY-	-----	TLSNFNHSM	RUIPKKSNNE	RUIPKKSNNE			79
Euplotes pep	KEVEEWKKS	-----	--GFAPGKG	RUIPKKTT--	FRPTMTFNKK			78
Trans of tetrahymen	KIQLEENLE	KVEEKLIPED	SFQKYPQKKL	RUIPKKGS--	FRPTMTFLRK			92
Consensus	K...E.....	-----F..GKL	RUIPKK...--	FRPTMTF.RK			100
EST2 pep	ADEEEFTIYK	ENHKNAIQPT	QKILEYLRNK	RPTSFTKIYS	PTQIADRIKE			129
Euplotes pep	IVNSDRKTTK	LTTNTKLLNS	HMLKTLKN-	-----	RMFK	-DPFGFAVFN		120
Trans of tetrahymen	DKQNIK---	LNLNQILMDS	QLVFRNLKD-	-----	ML-G	-QKIGYSVFD		130
ConsensusK..K	LN.N..I..S	QL.L..LKN-	-----	---IG..VF.		150
EST2 pep	FKORLLKKFN	NVL-----	PELYFMKFD	VKSCYD				157
Euplotes pep	YD-DVMKKIYE	EFVCKWKQVH	CPKLEFFATMD	IEKCYD				155
Trans of tetrahymen	NK-QISEKFA	QFIEKWKNG	RPCLYYVTL-	-----				158
Consensus	.K-....KKF.	.F..KWK..G	.P.LVF.T.D	...CYD				186

FIG. 31

+

S-1: FFY VTE TTF QKN RLF FYR KSV WSK
 S-2: RQH LKR VQL RDV SEA EVR QHR EA
 S-3: ART FRR EKR AER LTS RVK ALF SVL NYE

A-1: AKF LHW LMS VYV VEL LRS FFY VTE TTF Q
 A-2: LFF YRK SVW SKL QSI GIR QHL KRV QLR DVS
 A-3: PAL LTS RLR FIP KPD GLR PIV NMD YVV

FIG. 32

Poly 4
 t a a g c c t c g
 5'- cag acc aaa gga att cca taa gg -3'
 Q T K G I P Q G

4(B')

5(c')

D D Y L L I T
 3'- ctg ctg atg gag gag tag tgg -5'
 a a a a a a a a
 t t t t
 c c
Poly 1

FIG. 34

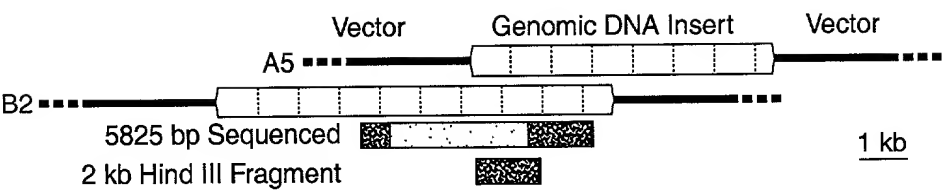


FIG. 33A

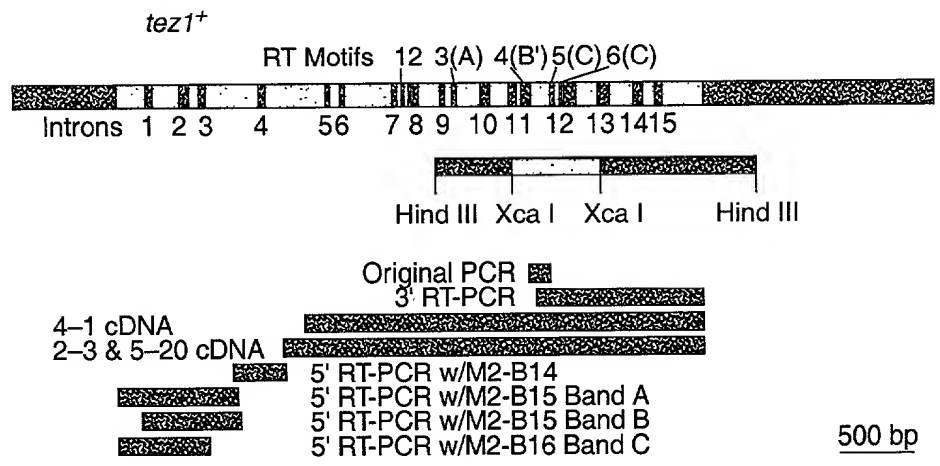


FIG. 33B

+

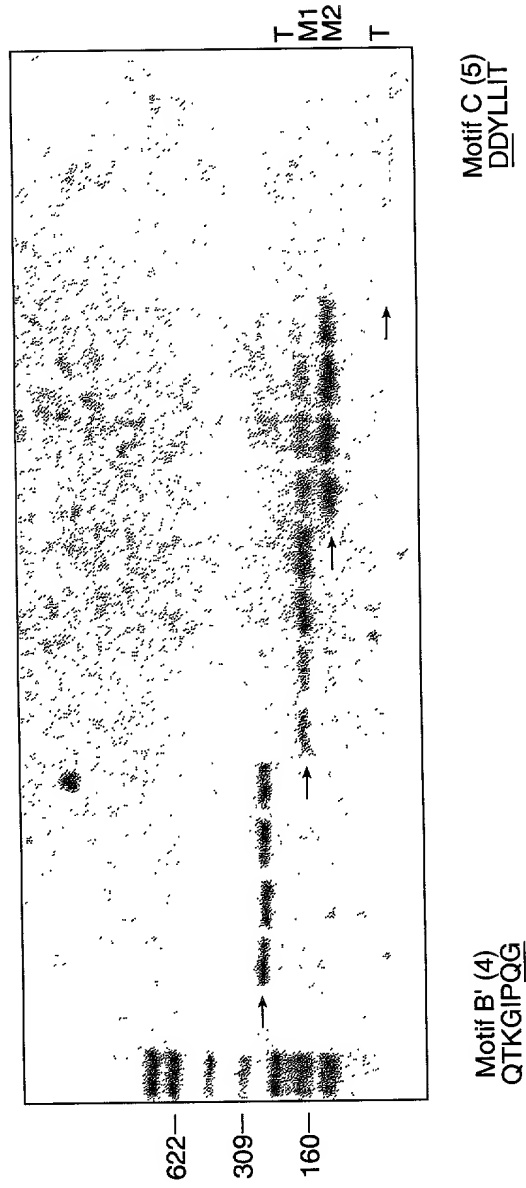


FIG. 35

+

+

GAA GAT TTG ATT GAT GAA TAC CTA TCG TTT ACG AAA AAG AAA GGA TCA GTG TTG TTA CGA
 CTT CTA AAC TAA CTA CTT ATG GAT AGC AAA TGC TTT TTC CCT AGT CAC AAC AAT GCT
 E D L I D E Y L S F T K K K G S V L L R

GTA GTC gac gac tac ctc ctc atc acc
 CAT CAG ctg ctg atg gag gag tag tgg

V V D D Y L L I T

<---- ctg ctg atg gag gag tag tgg
 a a a a a a a t t t
 c c c
Poly 1

.....gac gat ttc ctc ttt ata aca..... <---Actual Genomic Sequence
 D D F L F I T

FIG. 36
 (CONTINUED)

+

+

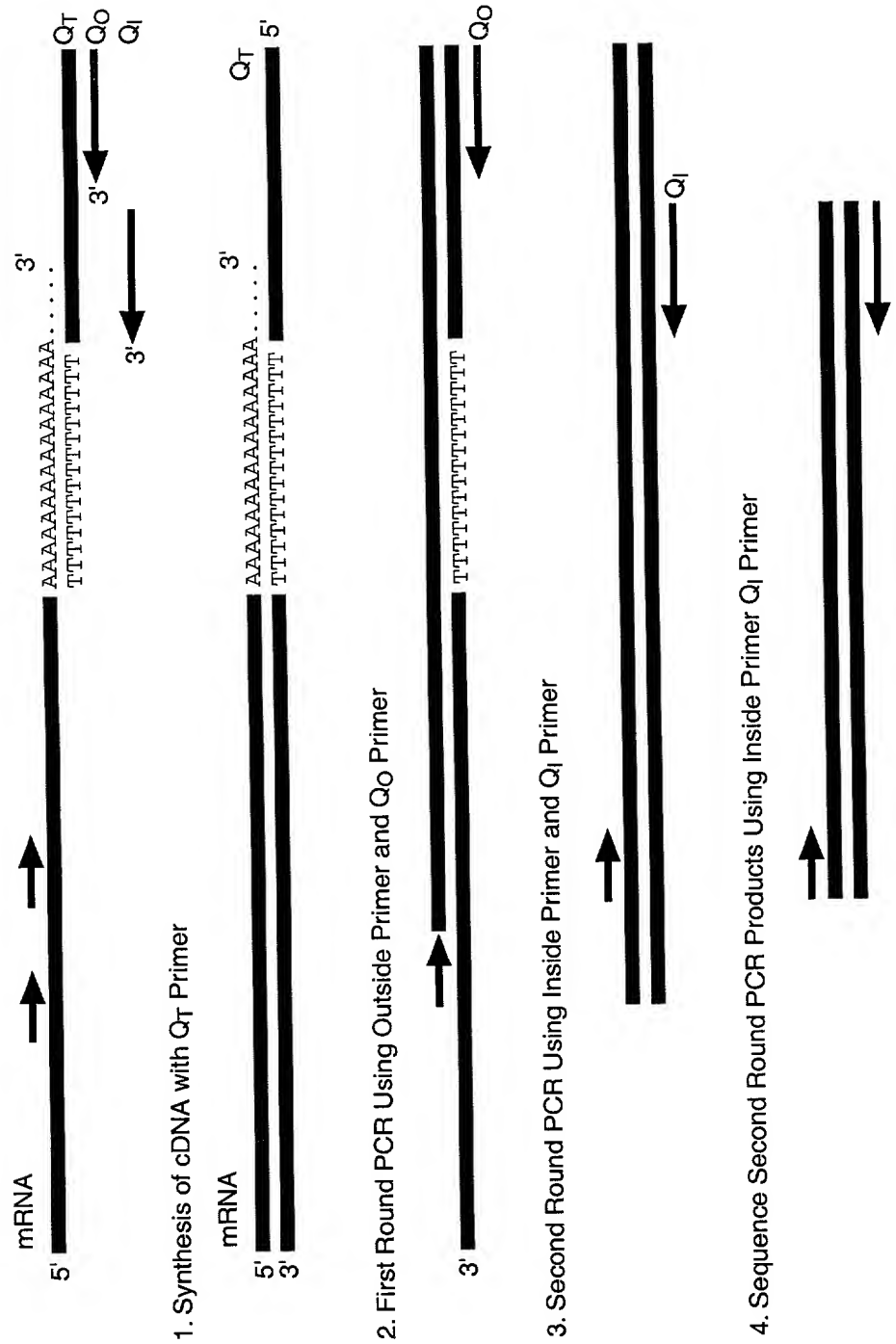


FIG. 37

+

+

- A. Genomic Libraries**
- Size Selected Libraries from P. Nurese
 - 3~4 kb
 - 5~7 kb
 - 7~8 kb
 - 11~12 kb
 - Libraries from J.A. Wise
 - Sau 3a Partial Digest
 - Hind III Partial Digest
- cDNA Libraries**
- GAD (Gal Activation Domain) Library
 - REP Library from R. Allshire
 - REP81ES Library (old)
 - REP81ES Library (new)
 - REP41ES Library

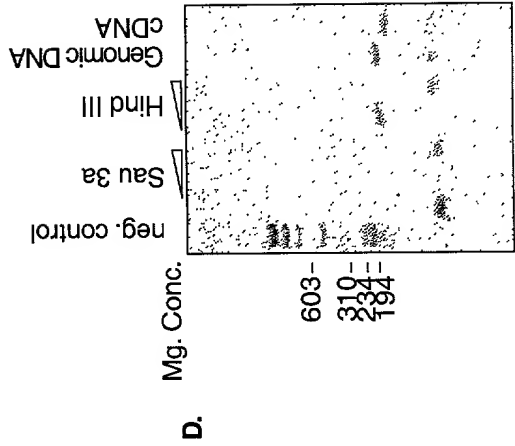
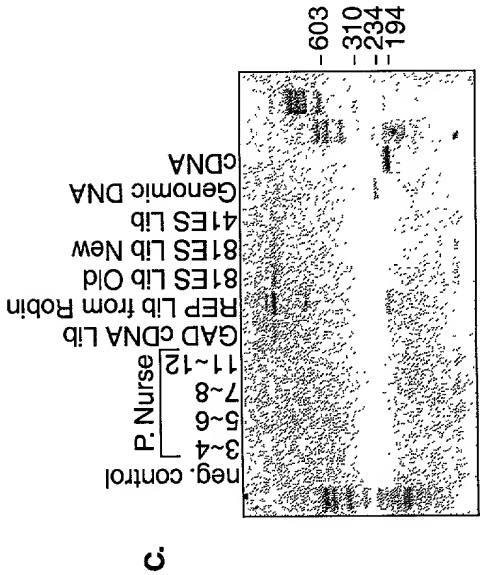
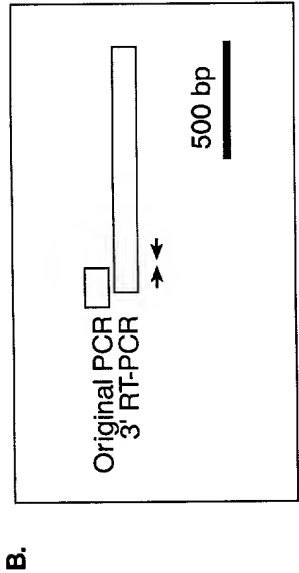


FIG. 38

+

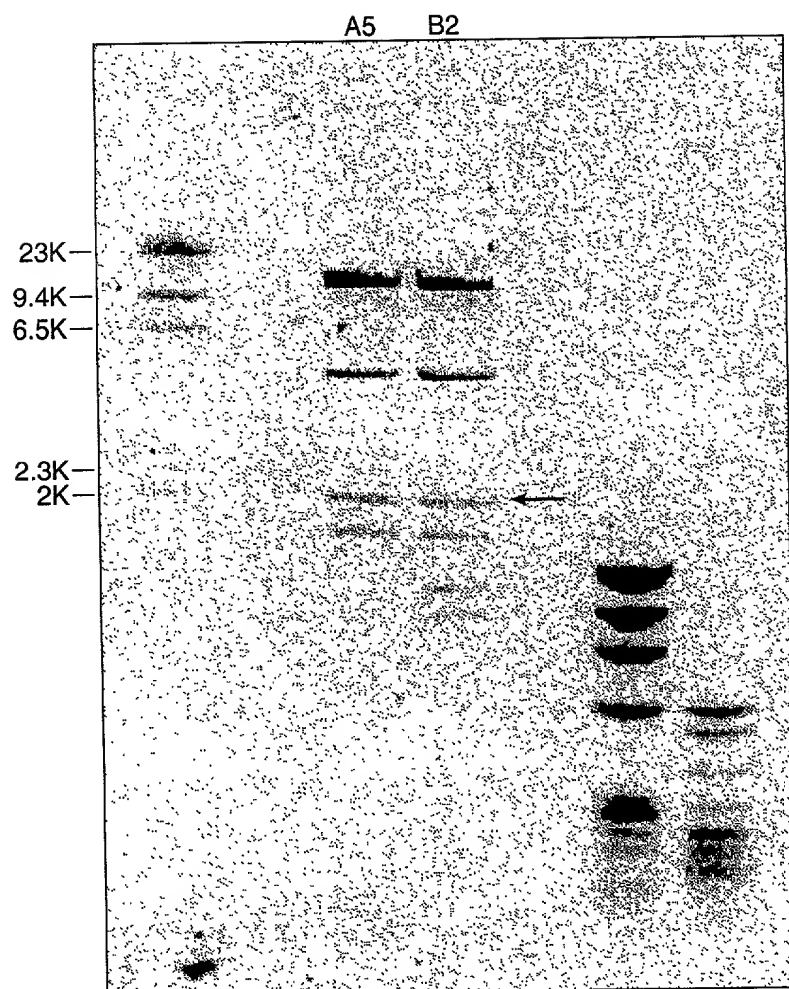


FIG. 39

09766253.082001

+

35/59

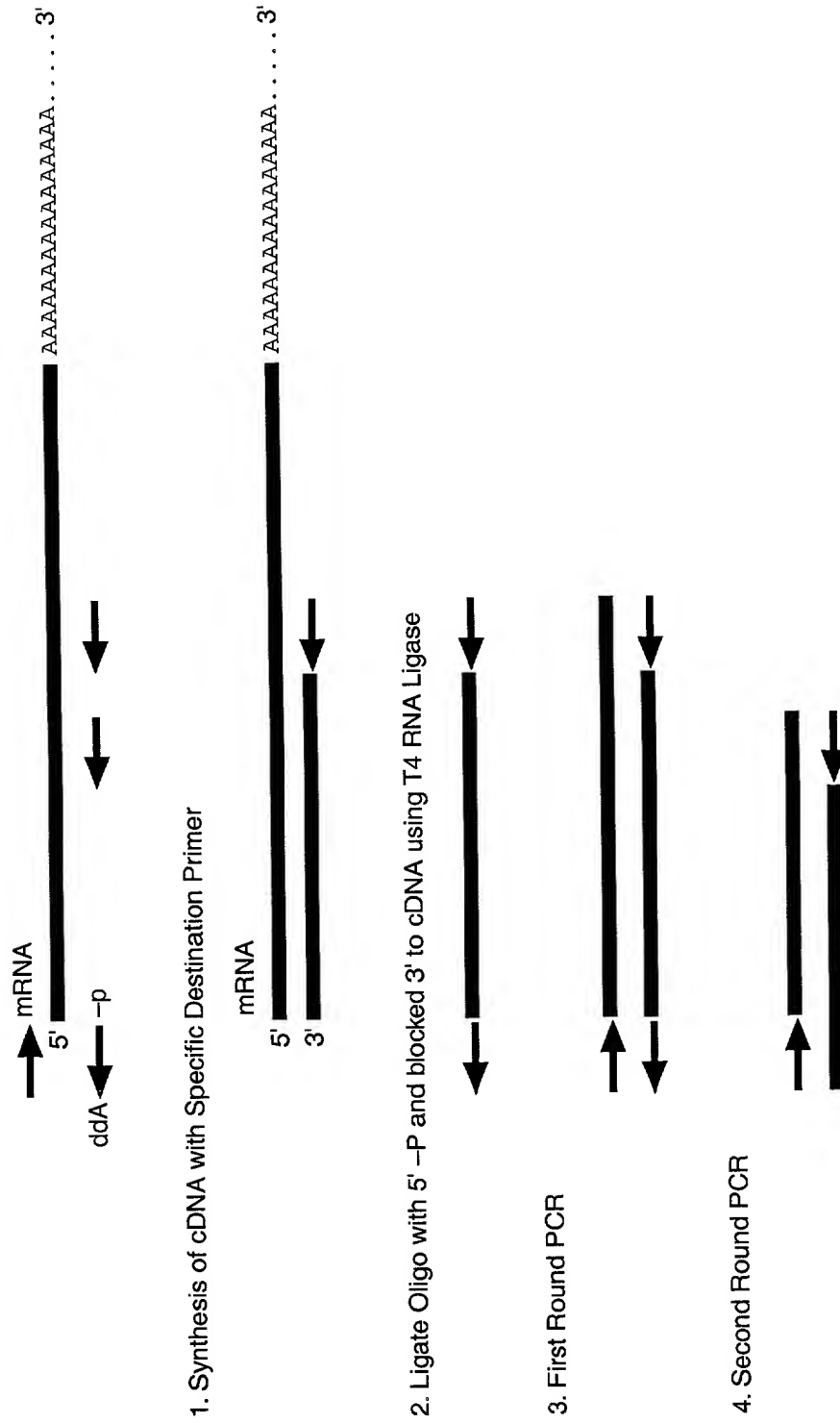


FIG. 40

+

+

		Motif O	
S.p. Tez1p	(429) .	WLYNSFIIPILQSFYITESSDLNRRTVYFRKDIW	... (35) ...
S.c. Est2p	(366) .	WLFRQLIPKIIQTFYCTEISSTVT-IVYFRHDTW	... (35) ...
E.a. p123	(441) .	WIFEDLVVSLIRCFYVTEQQKSYKTYIRKNIW	... (35) ...
		*** ** *	*
		Motif 1	Motif 2
		p hh h K	hr h R
S.p. Tez1p		AVIRLLPKK--NTFRLITN-LRKRF	... (61) ...
S.c. Est2p		SKMRIIPKKSNNEFRIIAPCRGAD	... (62) ...
E.a. p123		GKLRLLPKK--TTFRPIMTFNKKIV	... (61) ...
		* *** ** *	*
		Motif 3(A) AF	
		h hDh GY h	
S.p. Tez1p		KKYFVRIDIKSCYDRIKQDLMFRIVK	... (89) ...
S.c. Est2p		ELYFMKFDVKSCYDSIPRMECMRIK	... (75) ...
E.a. p123		KLFFATMDIEKCYDSVNREKLSTFLK	... (107) ...
		* * *** *	*
		Motif 4(B')	
		hpQG pp hh h	
S.p. Tez1p		YLQKVGPQGSSILSSFLCHFYMEDLIDEYLSF	... (6) ...
S.c. Est2p		YIREDGLFQGSSLSAPIVDLVYDDLLIEFYSEF	... (8) ...
E.a. p123		YKQTKGIPQGGLCVSSILSSFYATLEESSLGF	... (14) ...
		* * ** * *	*
		Y Motif 5(C)	Motif 6(D)
		h F DDhhh	Gh h cK h
S.p. Tez1p		VLLRWVDDFLFITVNNKDAKKFLNLSRGFEKHNFSTLEKTVINFENS	... (205)
S.c. Est2p		LILKLADDFLIISTDQQQVINIKKIAMGGFQKYNKANRDKILAVSSQS	... (173)
E.a. p123		LLMRLTDDYLLITTTQENNAVLFIIEKLINVSRENGFKFNMKKLQTSFPLS	... (209)
		** * *	*

FIG. 41

+

+

A.																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																														
----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--

FIG. 42

+

+

A.																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																													
----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--

FIG. 42

(CONTINUED)

+

A.	Sp_Tip1p	426	E	F	I	Y	W	L	Y	N	S	F	I	I	P	I	L	Q	S	F	F	Y	I	T	E	S	S	D	L	R	R	T	V	Y	458		
	Sc_Est2p	363	C	F	I	S	W	L	F	R	Q	L	I	P	K	I	I	Q	T	F	F	Y	C	T	E	I	S	S	T	V	T	-	I	V	Y	394	
	Ea_p123	438	K	L	L	R	W	I	F	E	D	L	V	S	L	I	R	C	F	F	Y	V	T	E	Q	Q	K	S	Y	S	K	T	Y	Y	470		
	Sp_Tip1p	459	F	R	K	D	I	W	K	L	L	C	R	P	F	I	T	S	M	K	M	E	A	F	E	K	I	N	E	N	N	V	R	M	D	491	
	Sc_Est2p	395	F	R	H	D	T	W	N	K	L	I	T	P	F	I	V	E	Y	F	K	T	Y	L	V	E	N	N	V	C	R	N	H	N	S	427	
	Ea_p123	471	Y	R	K	N	I	W	D	V	I	M	K	M	S	I	A	D	L	K	K	E	T	L	A	E	V	Q	E	K	E	V	E	E	W	503	
	Sp_Tip1p	492	T	Q	K	T	T	L	P	A	V	I	R	L	L	P	K	K	-	-	N	T	F	R	L	I	T	N	L	R	K	R	F	L	522		
	Sc_Est2p	428	Y	T	L	S	N	F	N	H	S	K	M	R	I	I	P	K	K	S	N	E	F	R	I	I	A	I	P	C	R	G	A	D	460		
	Ea_p123	504	K	K	S	L	G	F	A	P	G	K	L	R	L	I	P	K	K	-	-	T	T	F	R	P	I	M	T	F	N	K	K	I	V	534	
	Sp_Tip1p	523	I	K	M	G	S	N	K	K	M	L	V	S	T	N	Q	T	L	R	P	V	A	S	I	L	K	H	L	I	N	E	-	-	-	552	
	Sc_Est2p	461	E	E	E	-	-	F	T	I	Y	K	E	N	H	K	N	A	I	Q	P	T	Q	K	I	L	E	Y	L	R	N	K	R	P	T	491	
	Ea_p123	535	N	S	D	-	-	R	K	T	T	K	L	T	T	N	T	K	L	N	S	H	L	M	L	K	T	L	K	N	R	-	M	F	564		
	Sp_Tip1p	553	E	S	S	G	I	P	F	N	L	E	V	Y	M	K	L	L	T	F	K	K	D	L	L	K	H	R	M	F	G	R	-	K	K	584	
	Sc_Est2p	492	S	F	T	K	I	Y	S	P	T	Q	I	A	D	R	I	K	E	F	K	Q	R	L	L	K	K	F	N	N	V	L	P	E	L	524	
	Ea_p123	565	K	D	P	F	G	F	A	V	F	N	Y	D	D	V	M	K	K	Y	E	E	F	V	C	K	W	K	Q	V	G	P	K	L	597		
	Sp_Tip1p	585	Y	F	V	R	I	D	I	K	S	C	Y	D	R	I	I	K	Q	D	L	M	F	R	I	V	K	K	K	L	K	D	P	E	-	F	616
	Sc_Est2p	525	Y	F	M	K	F	D	V	K	S	C	Y	D	S	I	P	R	M	E	C	M	R	I	L	K	D	A	L	K	N	E	N	G	F	557	
	Ea_p123	598	F	F	A	T	M	D	I	E	K	C	Y	D	S	V	N	R	E	K	L	S	T	F	L	K	T	T	K	L	L	S	S	D	F	630	
	Sp_Tip1p	617	V	I	R	K	Y	A	T	I	H	A	T	S	D	R	A	T	K	N	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	634	
	Sc_Est2p	558	F	V	I	R	S	Q	Y	F	F	N	T	N	T	G	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	570		
	Ea_p123	631	W	I	I	M	T	A	Q	I	L	K	R	K	N	I	V	I	D	S	K	N	F	R	K	E	M	K	D	Y	F	R	Q	K	663		

FIG. 42
(CONTINUED)

+

A.	Sp_Tip1p	635	FVSEAFSYFDMVPFEKVVQLLS--MKTSDITL	665	FV
	Sc_Est2p	571	-----VLKLFNVVNASR--VPKPYEL	591	YI
	Ea_p123	664	FQKIALEGGQYPTLFSVLENEQNDLNAKKT	696	IV
	Sp_Tip1p	666	DFVDYWTKSSSEIFKMLKEHLSGHI	698	Y
	Sc_Est2p	592	DNVRTVHLSNQDVINVVEMEIFKTA	624	WVEDKCY
	Ea_p123	697	EAKQRNYFKKDNLLQPVINICQYNY	729	INFNKGFY
	Sp_Tip1p	699	LQKVGIPQGSILSSFLCHFYMEDL	731	IDEYLSFTK
	Sc_Est2p	625	IREDEGLFQGSLSAPIVDLVYDDL	657	EFYSEFKA
	Ea_p123	730	KQTKGIPQGLCVSSI LSSFYATLEE	762	SSLGFLR
	Sp_Tip1p	732	KKG-----SVLLRVVDDFL	756	FITVNNKKDAKK
	Sc_Est2p	658	SPSQD-----TLILKLADDL	684	IISTDQQQVIN
	Ea_p123	763	DESMNPENPNVNLMLRLTDDY	795	LLITTTQENNAVL
	Sp_Tip1p	757	FLNLSLRGFEKHNFSLSLEKTV	786	INFEENSNG--
	Sc_Est2p	685	IKKLLAMGGFQKYNAKANRDKI	713	LAVSSQSD---
	Ea_p123	796	FIEKLINVSRENGFKFNMKKLQ	828	TSEPLSPSKFA
	Sp_Tip1p	787	---IINNNTFFNESKKRM	816	PFVGFVNMRS
	Sc_Est2p	714	---DDTVIFQFCA--MHIFVKE	739	LEVWKHSSSTM
	Ea_p123	829	KYGMDSVEEQNI	861	VQDYCDWIGISIDMKTLALMP
	Sp_Tip1p	817	ACPKI	849	DEALFNSTSVELTKHMGKSF
	Sc_Est2p	740	NNFHI	772	RSKSSKGI
	Ea_p123	862	NNINLRI	894	EGILCTLNLMQTKKASMWLKKKLSF

FIG. 42
(CONTINUED)

+

A.	Sp_Tip1p	850	L	A	S	F	A	Q	V	F	I	D	I	T	H	N	S	K	F	N	S	C	C	N	I	Y	R	L	G	Y	S	M	C	M	R	882
	Sc_Est2p	773	L	N	S	T	N	T	V	L	M	Q	I	D	H	V	V	K	N	I	S	E	C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	793
	Ea_p123	895	L	M	N	I	T	H	Y	F	R	K	T	I	T	T	E	D	F	A	N	K	T	L	N	K	L	F	I	S	G	G	Y	K	927	
	Sp_Tip1p	883	A	Q	A	Y	L	K	R	M	K	D	I	F	I	P	Q	R	M	F	I	T	D	L	L	N	V	I	G	R	K	I	W	K	915	
Sc_Est2p	794	-	-	-	Y	K	S	A	F	K	D	L	S	I	N	-	-	V	T	Q	N	M	Q	F	H	S	F	L	Q	R	I	I	E	M	821	
Ea_p123	928	Y	M	Q	C	A	K	E	Y	K	D	H	F	K	K	N	L	A	M	S	S	M	I	D	L	E	V	S	K	I	I	Y	S	V	960	
Sp_Tip1p	916	L	A	E	I	L	G	Y	T	S	R	R	F	L	S	S	A	E	V	K	W	L	F	C	L	G	M	R	D	G	L	K	P	S	948	
Sc_Est2p	822	T	V	S	G	C	P	I	T	K	C	D	P	L	I	E	Y	E	V	R	F	T	I	L	N	G	F	L	E	S	L	S	S	N	854	
Ea_p123	961	T	R	A	F	F	K	Y	L	V	C	N	I	K	D	T	I	F	G	E	E	H	Y	P	D	F	F	L	S	T	L	K	H	F	993	
Sp_Tip1p	949	F	K	Y	H	P	C	F	E	Q	L	I	Y	Q	F	Q	S	L	T	D	L	I	K	P	L	R	P	V	L	R	Q	V	L	F	981	
Sc_Est2p	855	T	S	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	K	F	K	D	N	I	L	L	R	K	E	I	Q	H	L	Q	A	Y	I	Y	877
Ea_p123	994	I	E	I	F	S	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	K	K	Y	I	F	E	N	R	V	C	M	I	L	K	A	K	E	A	K	1023
Sp_Tip1p	982	L	H	R	R	I	A	D	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	988	
Sc_Est2p	878	I	Y	I	H	I	V	N	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	884	
Ea_p123	1024	Q	S	L	I	Q	Y	D	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1031	

FIG. 42
(CONTINUED)

+

B.		
Sp_Tip1p	1	- - - - - MTEHHTPKSRILRFLENQYVYLCT ²⁴
Sc_Est2p	1	- - - - - - - - - - - - - - - MKILFEF ⁷
Ea_p123	1	MEVDVDNQADNHGIIHSALKTCEEIKEAKTLYSW ³³
Sp_Tip1p	25	LNDYVQLVLRGSPA[S]YSN ICERLRSRVQTSFS ⁵⁷
Sc_Est2p	8	IQDKLDIDLQTN--S]TYK--ENLKC GFHNGLD ³⁵
Ea_p123	34	IQKVIRCRNQSQ--S]HYK--DLEDIKIFAQTN ⁶¹
Sp_Tip1p	58	IFLHSTVVGFDSKPDDEGVQFSSSPKCSQSELI]AN ⁹⁰
Sc_Est2p	36	EILTTTCFALPNSR-KIALPCLPGDLSHKAVI]DH ⁶⁷
Ea_p123	62	I V A T P R D Y N E E D F K V I A R K E V F S T G L M I E L I] D K ⁹⁴
Sp_Tip1p	91	VVKQMFDESFERRR-NLLMKG]FSMNHEDFRAMH ¹²²
Sc_Est2p	68	C I I Y L L T G E L Y N - - - N V L T F G Y K I A R N E D - - - - ⁹³
Ea_p123	95	CLVELLSSSDVSDRQKLQCFG]FQLKGNQ-- - - - ¹²²
Sp_Tip1p	123	VNGVQNDLVSTFPN Y L I S I L E S K N W Q L L L E I I G] ¹⁵⁵
Sc_Est2p	94	- - - V N N S L F C H S A N V N V T L L K G A A W K M F H S L V G] ¹²³
Ea_p123	123	- - - L A K T H L L T A L S T Q K Q Y F F Q D E W N Q V R A M I G] ¹⁵²
Sp_Tip1p	156	SDAMHYL]LSKGSIFEALPNDN Y L Q] S G I P L F K N ¹⁸⁸
Sc_Est2p	124	T Y A F V D L L I N Y T V I Q F N - G Q F F T Q I V G N R C N E P ¹⁵⁵
Ea_p123	153	NELFRHL]YTKYLI]FQRTSEGT L V Q] F C G N N V F D H ¹⁸⁵
Sp_Tip1p	189	NVFEETVSKKRKRRTIETSI T Q N - - - K S A R K E] V S ²¹⁸
Sc_Est2p	156	H L P P K W V Q - - - R S S S S S A T A A Q I - - - K Q L T E P] V T ¹⁸³
Ea_p123	186	L K V N D K F D K - K Q K G G A A D M N E P R C C S T C K Y N] V K ²¹⁷

FIG. 42
(CONTINUED)

+

+

B.			
Sp_Tip1p	219	WNSISISRFSIFYRSSYKKFKQDLYFNLSHSICD	251
Sc_Est2p	184	N-----	200
Ea_p123	218	NEK--DHFLNNINVPNWNMKSRTIRIFYCTHFN	248
Sp_Tip1p	252	RNTVHMWLQWIFPRQFGLINAFQVKQLHKV IPL	284
Sc_Est2p	201	-----YSKILPSSS--SICKLTDLREAIFP	223
Ea_p123	249	R-----NNQFFKKHEFVSNNKNNISAMDR AQT I	275
Sp_Tip1p	285	VS-----QSTVVPKRLLVYPLIEQTAKRRLHRI S	313
Sc_Est2p	224	TN-----LVKIPQRLKVRINLTQKLLKRHKRLN	252
Ea_p123	276	FTNIFRFNRIKKLKDKEIEKIA YMLEKVKDFN	308
Sp_Tip1p	314	LSKVYNYHCPCYID-THDDEKILSYSLKPNQ--	342
Sc_Est2p	253	YVSI LNSICPPLEGTVLDLSHLSRQSPKER---	282
Ea_p123	309	FNYYLT KSCPLPENWRERKQKIENL INKTREEK	341
Sp_Tip1p	343	-----VFALRSILVRVFPKLI	359
Sc_Est2p	283	-----VLKFIIVILQKLLPQEM	299
Ea_p123	342	SKYYEELFSYTTDNKCVTQF INEFFYNI LPKDF	374
Sp_Tip1p	360	WGNQRIFEIILKDL ETFLKL SRYESFSLHY LMS	392
Sc_Est2p	300	FGSKKNKGKIKNLNLLSLPLNGYLPFD SLLK	332
Ea_p123	375	LTG-RNRKNFQKKVKKYVELNKH E L I HKNLLLE	406
Sp_Tip1p	393	NIKISEIEWLVLGKRSNAKMCLSDFFEKRKQIFA	425
Sc_Est2p	333	KLRLKDFR WLFIS--DIWFTKHNFENLNQLAI	362
Ea_p123	407	KINTREISWMQVETS-AKH FYYFDHE N-IYVLW	437

FIG. 42
(CONTINUED)

+

B.		
Sp_Tip1p	426	EF I Y W L Y N S F I I P I L Q S F F Y I T E S S D L R N R T V Y 458
Sc_Est2p	363	CF I S W L F R Q L I P K I I Q T F F Y C T E I S S T V T - I V Y 394
Ea_p123	438	K L L R W I F E D L V V S L I R C F F Y V T E Q Q K S Y S K T Y Y 470
Sp_Tip1p	459	F R K D I W K L L C R P F I T S M K M E A F E K I N E N N V R M D 491
Sc_Est2p	395	F R H D T W N K L I T P F I V E Y F K T Y L V E N N V C R N H N S 427
Ea_p123	471	Y R K N I W D V I M K M S I A D L K K E T L A E V Q E K E V E E W 503
Sp_Tip1p	492	T Q K T T L P P A V I R L L P K K - - N T F R L I T N L R K R F L 522
Sc_Est2p	428	Y T L S N F N H S K M R I I P K K S N N E F R I I A I P C R G A D 460
Ea_p123	504	K K S L G F A P G K L R L I P K K - - T T F R P I M T F N K K I V 534
Sp_Tip1p	523	I K M G S N K K M L V S T N Q T L R P V A S I L K H L I N E - - - 552
Sc_Est2p	461	E E E - - F T I Y K E N H K N A I Q P T Q K I L E Y L R N K R P T 491
Ea_p123	535	N S D - - R K T T K L T T N T K L L N S H L M L K T L K N R - M F 564
Sp_Tip1p	553	E S S G I P F N L E V Y M K L L T F K K D L L K H R M F G R - K K 584
Sc_Est2p	492	S F T K I Y S P T Q I A D R I K E F K Q R L L K K F N N V L P E L 524
Ea_p123	565	K D P F G F A V F N Y D D V M K K Y E E F V C K W K V G Q P K L 597
Sp_Tip1p	585	Y F V R I D I K S C Y D R I K Q D L M F R I V K K K L K D P E - F 616
Sc_Est2p	525	Y F M K F D V K S C Y D S I P R M E C M R I L K D A L K N E N G F 557
Ea_p123	598	F F A T M D I E K C Y D S V N R E K L S T F L K T T K L L S S D F 630
Sp_Tip1p	617	V I R K Y A T I H A T S D R A T K N - - - - - - - - - - - 634
Sc_Est2p	558	F V R S Q Y F F N T N T G - - - - - - - - - - - - - 570
Ea_p123	631	W I M T A Q I L K R K N N I V I D S K N F R K K E M K D Y F R Q K 663

FIG. 42
(CONTINUED)

+

B.		
Sp_Tip1p	635	FVSEAFSYFDMVPFEK[V]VQLLS--MKTSDT[L]FV 665
Sc_Est2p	571	-----VLKLFN[V]VNASR--VPKPYEL[Y]I 591
Ea_p123	664	FQKIALEGGQYPTLFS[V]LENEQNDLNAKKT[L]IV 696
Sp_Tip1p	666	DFVDYWTKSSSEIFKMLKEHLSGHI VKIGNSQ[Y] 698
Sc_Est2p	592	DNVRTVHLSNQDVINVVEMEIFKTA LWVEDKCY 624
Ea_p123	697	EAKQRNYFKKDNLLQPVINICQYNYINFNKGKY 729
Sp_Tip1p	699	LQKVGI[P]QGSI[LS]SFLCHFYMED[L]IDEYLS[FT]K 731
Sc_Est2p	625	IREDGLFQGS[LS]APIVDLVYDD[L]LEFYSE[FF]KA 657
Ea_p123	730	KQTKGI[P]QGLCV[SS]ILSSFYAT[L]EESSLG[FL]R 762
Sp_Tip1p	732	KKG-----SVLLRVV[DD]F[L]ITVNKKD[A]KK 756
Sc_Est2p	658	SPSQD-----TLILKLADD[F]LIIISTDQQQVIN 684
Ea_p123	763	DESMNPENPNVNLMLRLTDD[Y]LIIITTQENNAVL 795
Sp_Tip1p	757	FLNLSLRGFEKHNFS[TS]LE[K]TVINFEN[SN]G-- -- 786
Sc_Est2p	685	IKKLAMGGFQKYNAKANRD[K]ILAVSSQ[S]D-- -- 713
Ea_p123	796	FIEKLINVSRENGFKFNMK[K]LQTSFPL[S]PSKFA 828
Sp_Tip1p	787	---IINN[TF]FNESKKRMPFFGFSVNMRSLDTLL 816
Sc_Est2p	714	---DDT[VI]QFCA--MHIFVKELEVWKHSS[TM] 739
Ea_p123	829	KYGMDSVEEQNI VQDYCDWIGISIDMKTLALMP 861
Sp_Tip1p	817	ACPKIDEALFNSTSVELTKHMGKSF[Y]KILRSS 849
Sc_Est2p	740	NNFHIRSKSSKGI[FR]SLIALFNTRISYK[T]IDTN 772
Ea_p123	862	NINLRIEGLCTLNLMQTKKASMWLKK[K]KLSF 894

FIG. 42
(CONTINUED)

+

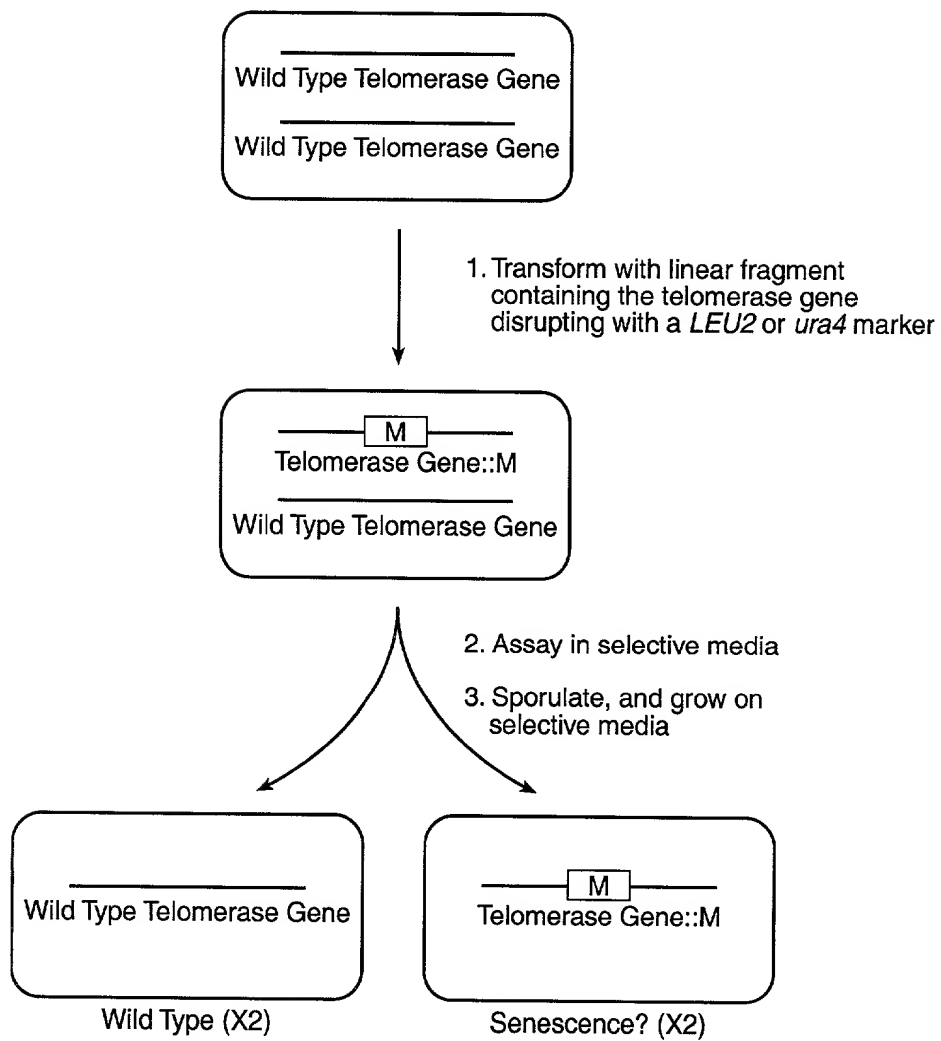
+

B.

Sp_Tip1p	850	L	A	S	F	A	Q	V	F	I	D	I	T	H	N	S	K	F	N	S	C	C	N	I	Y	R	L	G	Y	S	M	C	M	R	882	
Sc_Est2p	773	L	N	S	T	N	T	V	L	M	Q	I	D	H	V	V	K	N	I	S	E	C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	793
Ea_p123	895	L	M	N	N	I	T	H	Y	F	R	K	T	I	T	T	E	D	F	A	N	K	T	L	N	K	L	F	I	S	G	G	Y	K	927	
Sp_Tip1p	883	A	Q	A	Y	L	K	R	M	K	D	I	F	I	P	Q	R	M	F	I	T	D	L	L	N	V	I	G	R	K	I	W	K	K	915	
Sc_Est2p	794	-	-	-	Y	K	S	A	F	K	D	L	S	I	N	-	-	V	T	Q	N	M	Q	F	H	S	F	L	Q	R	I	I	E	M	821	
Ea_p123	928	Y	M	Q	C	A	K	E	Y	K	D	H	F	K	K	N	L	A	M	S	S	M	I	D	L	E	V	S	K	I	I	Y	S	V	960	
Sp_Tip1p	916	L	A	E	I	L	G	Y	T	S	R	R	F	L	S	S	A	E	V	K	W	L	F	C	L	G	M	R	D	G	L	K	P	S	948	
Sc_Est2p	822	T	V	S	G	C	P	I	T	K	C	D	P	L	I	E	Y	E	V	R	F	T	I	L	N	G	F	L	E	S	L	S	S	N	854	
Ea_p123	961	T	R	A	F	F	K	Y	L	V	C	N	I	K	D	T	I	F	G	E	E	H	Y	P	D	F	F	L	S	T	L	K	H	F	993	
Sp_Tip1p	949	F	K	Y	H	P	C	F	E	Q	L	I	Y	Q	F	Q	S	L	T	D	L	I	K	P	L	R	P	V	L	R	Q	V	L	F	981	
Sc_Est2p	855	T	S	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	K	F	K	D	N	I	I	L	R	K	E	I	Q	H	L	Q	A	Y	I	Y	877	
Ea_p123	994	I	E	I	F	S	-	-	-	-	-	-	-	-	T	K	K	Y	I	F	N	R	V	C	M	I	L	K	A	K	E	A	K	L	1023	
Sp_Tip1p	982	L	H	R	R	I	A	D	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	988		
Sc_Est2p	878	I	Y	I	H	I	V	N	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	884		
Ea_p123	1024	Q	S	L	I	Q	Y	D	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1031		

FIG. 42
(CONTINUED)

+



(These cells will show a senescence phenotype if the disrupted gene encodes a telomerase subunit.)

FIG. 43

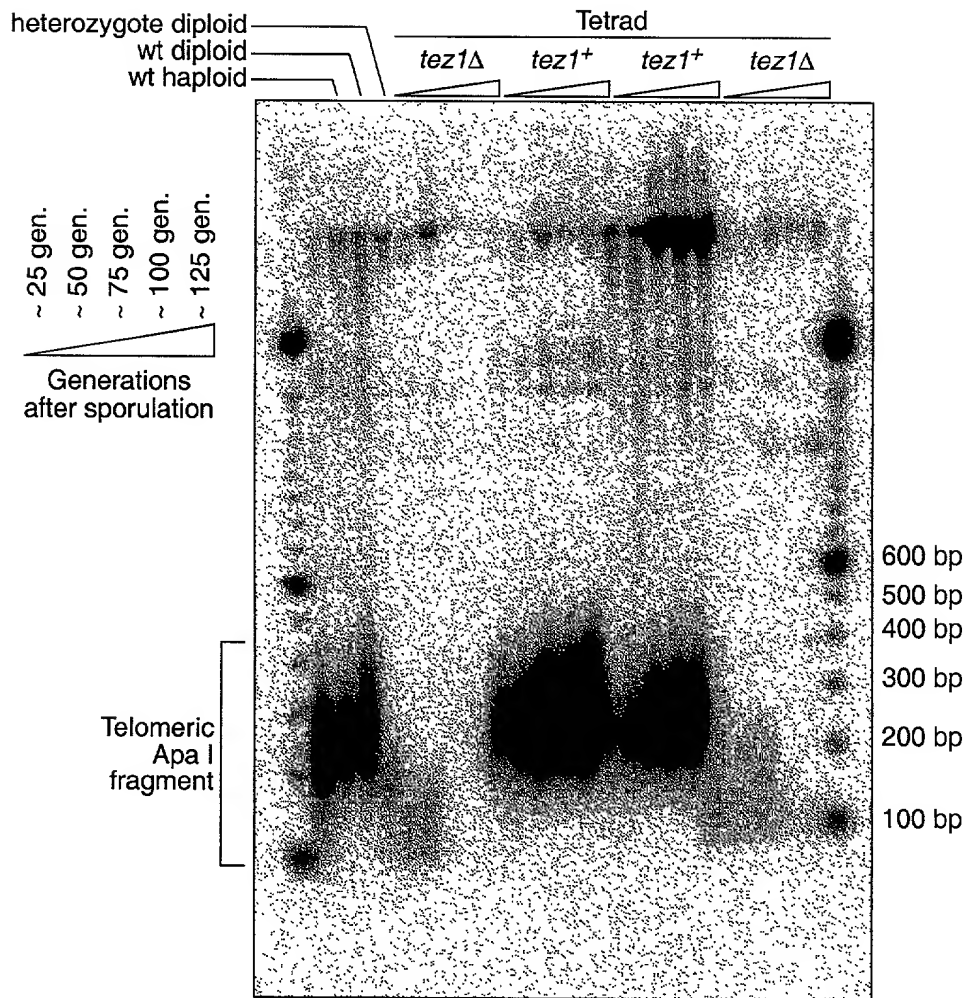


FIG. 45

+

1 ggtaccgatttacttttcttcttcaataagtaattgcttctctgaacgctccttaaaatctctggaataatttttacaaga 80
81 actcaataacaataccaagtcaaatccaattatgaaggtgtatttagtgatcgataaatattttctattttatcggtcgtta 160
161 ccaagtataaggacaaaagaacaacttcttccccaaagacttttcttatttatttatttcaaatatatttcg 240
241 ggttcgttacttttaactggtgactgttttagctgacttctagccaaacggtgtttctaccccgctcatcggtatc 320
321 agctctggagtagtcacagaaactctacaaatctctgtagactatattagattcattacagtcctgcatattc 400
401 ttaacatggagccttacacttttagatgagtcacgctgcagtaggagatttttggtatcatcccaacggtttgccttgaagaag 480
481 gttgataattatttgcaaatcatgtccttagtggtgttaacgcggaagttttttgtagcttgcacacgctctagcatg 560
561 attgagatattcaaaaatttctatccactacaactcctttaacgcggtttttattttctattttctattctcatgtgtt 640
641 ccaaatatgatatcatctgattaggtttttccgttttactcctggaatcgtaactttttctattttctattctccatga 720
721 ataactaaaattagtttcgcttataattgatagtagtagaagatttggtgacttactcgtgtaattgttatttagtttaaa 800
801 gatactttgcaaacatttattagctatcataaaaaaacctataataataataataataataataatttgcggtc 880
881 actatttttaaaacgcttatgatcagtaggacactttgcatatatatagttatgcttaattggttacttctaacttgc 958

959 ATG ACC GAA CAC CAT ACC CCC AAA AGC AGG ATT CTT CGC TTT CTA GAG AAT CAA TAT GTA 1018
1 M T E H H T P K S R I L R F L E N Q Y V 20

1019 TAC CTA TGT ACC TTA AAT GAT TAT GTA CAA CTT GTT TTG AGA GGG TCG CCG GCA AGC TCG 1078
21 Y L C T L N D Y V Q L V L R G S P A S S 40

1079 TAT AGC AAT ATA TGC GAA CGC TTG AGA AGC GAT GTA CAA ACG TCC TTT TCT ATT TTT CTT 1138
41 Y S N I C E R L R S D V Q T S F S I F L 60

1139 CAT TCG ACT GTA GTC GGC TTC GAC AGT AAG CCA GAT GAA GGT GTT CAA TTT TCT TCT CCA 1198
61 H S T V V G F D S K P D E G V Q F S S P 80

1199 AAA TGC TCA CAG TCA GAG gtatatatatatttttggtttttatttttctattcgggatagctaataatatgggcag 1272
81 K C S Q S E 86

1273 CTA ATA GCG AAT GTT GTA AAA CAG ATG TTC GAT GAA AGT TTT GAG CGT CGA AGG AAT CTA 1332
87 L I A N V V K Q M F D E S F E R R N L 106

1333 CTG ATG AAA GGG TTT TCC ATG gtaagggtatttctaattgtgaaatatttaccctgcaattactgttttcaaagaga 1405
107 L M K G F S M 113

1406 ttgtattttaaccgataaag AAT CAT GAA GAT TTT CGA GCC ATG CAT GTA AAC GGA GTA CAA AAT 1469
114 N H E D F R A M H V N G V Q N 128

FIG. 46

+

+

1470	GAT	CTC	GTT	TCT	ACT	TTT	CCT	AAT	TAC	CTT	ATA	TCT	ATA	CTT	GAG	TCA	AAA	AAT	TGG	CAA	1529									
129	D	L	V	S	T	F	P	N	Y	L	I	S	I	L	E	S	K	N	W	Q	148									
1530	CTT	TTG	TTA	GAA	AT	gtaaataccgggtaagatgttgcgcactttgaaacaagactgacaagtatat															T	ATC	GGC	I	G	1601				
149	L	L	L	E	I																								155	
1602	AGT	GAT	GCC	ATG	CAT	TAC	TTA	TTA	TCC	AAA	GGA	AGT	ATT	TTT	GAG	GCT	CTT	CCA	AAT	GAC	1661									
156	S	D	A	M	H	Y	L	L	S	K	G	S	I	F	E	A	L	P	N	D	175									
1662	AAT	TAC	CTT	CAG	ATT	TCT	GGC	ATA	CCA	CTT	TTT	AAA	AAT	AAT	GTG	TTT	GAG	GAA	ACT	GTG	1721									
176	N	Y	L	Q	I	S	G	I	P	L	F	K	N	N	V	F	E	E	T	V	195									
1722	TCA	AAA	AAA	AGA	AAG	CGA	ACC	ATT	GAA	ACA	TCC	ATT	ACT	CAA	AAT	AAA	AGC	GCC	CGC	AAA	1781									
196	S	K	K	R	K	R	T	I	E	T	S	I	T	Q	N	K	S	A	R	K	215									
1782	GAA	GTT	TCC	TGG	AAT	AGC	ATT	TCA	ATT	AGT	AGG	TTT	AGC	ATT	TTT	TAC	AGG	TCA	TCC	TAT	1841									
216	E	V	S	W	N	S	I	S	I	S	R	F	S	I	F	Y	R	S	S	Y	235									
1842	AAG	AAG	TTT	AAG	CAA	G	gtaaactaataactgttattccttcataactaatttttag															AT	CTA	TAT	TTT	AAC	1907			
236	K	K	F	K	Q	D																				L	Y	F	N	245
1908	TTA	CAC	TCT	ATT	TGT	GAT	CGG	AAC	ACA	GTA	CAC	ATG	TGG	CTT	CAA	TGG	ATT	TTT	CCA	AGG	1967									
246	L	H	S	I	C	D	R	N	T	V	H	M	W	L	Q	W	I	F	P	R	265									
1968	CAA	TTT	GGA	CTT	ATA	AAC	GCA	TTT	CAA	GTG	AAG	CAA	TTG	CAC	AAA	GTG	ATT	CCA	CTG	GTA	2027									
266	Q	F	G	L	I	N	A	F	Q	V	K	Q	L	H	K	V	I	P	L	V	285									
2028	TCA	CAG	AGT	ACA	GTT	GTG	CCC	AAA	CGT	CTC	CTA	AAG	GTA	TAC	CCT	TTA	ATT	GAA	CAA	ACA	2087									
286	S	Q	S	T	V	V	P	K	R	L	L	K	V	Y	P	L	I	E	Q	T	305									
2088	GCA	AAG	CGA	CTC	CAT	CGT	ATT	TCT	CTA	TCA	AAA	GTT	TAC	AAC	CAT	TAT	TGC	CCA	TAT	ATT	2147									
306	A	K	R	L	H	R	I	S	L	S	K	V	Y	N	H	Y	C	P	Y	I	325									
2148	GAC	ACC	CAC	GAT	GAT	GAA	AAA	ATC	CTT	AGT	TAT	TCC	TTA	AAG	CCG	AAC	CAG	GTG	TTT	GCG	2207									
326	D	T	H	D	E	K	I	L	S	Y	S	L	K	P	N	Q	V	F	A		345									
2208	TTT	CTT	CGA	TCC	ATT	CTT	GTT	CGA	GTG	TTT	CCT	AAA	TTA	ATC	TGG	GGT	AAC	CAA	AGG	ATA	2267									
346	F	L	R	S	I	L	V	R	V	F	P	K	L	I	W	G	N	Q	R	I	365									

FIG. 46
(CONTINUED)

+

2268 TTT GAG ATA ATA TTA AAA G gtaattgtataaaattttattaccactaacgattttaccag AC CTC GAA ACT 2336
366 F E I I L K D L E T 375

2337 TTC TTG AAA TTA TCG AGA TAC GAG TCT TTT AGT TTA CAT TAT TTA ATG AGT AAC ATA AAG 2396
376 F L K L S R Y E S F S L H Y L M S N I K 395

2397 gtaatatgccaataattttttaccatttaataacaatcag ATT TCA GAA ATT GAA TGG CTA GTC CTT GGA 2465
396 I S E I E W L V L G 405

2466 AAA AGG TCA AAT GCG AAA ATG TGC TTA AGT GAT TTT GAG AAA CGC AAG CAA ATA TTT GCG 2525
406 K R S N A K M C L S D F E K R K Q I F A 425

2526 GAA TTC ATC TAC TGG CTA TAC AAT TCG TTT ATA ATA CCT ATT TTA CAA TCT TTT TTT TAT 2585
426 E F I Y W L Y N S F I I P I L Q S F Y 445

2586 ATC ACT GAA TCA AGT GAT TTA CGA AAT CGA ACT GTT TAT TTT AGA AAA GAT ATT TGG AAA 2645
446 I T E S S D L R N R T V Y F R K D I W K 465

2646 CTC TTG TGC CGA CCC TTT ATT ACA TCA ATG AAA ATG GAA GCG TTT GAA AAA ATA AAC GAG 2705
466 L L C R P F I T S M K M E A F E K I N E 485

2706 gtatttttaaagtattttttgcaaaaagctaattttcag AAC AAT GTT AGG ATG GAT ACT CAG AAA ACT 2775
486 N N V R M D T Q K T 495

2776 ACT TTG CCT CCA GCA GTT ATT CGT CTA TTA CCT AAG AAG AAT ACC TTT CGT CTC ATT ACG 2835
496 T L P P A V I R L L P K K N T F R L I T 515

2836 AAT TTA AGA AAA AGA TTC TTA ATA AAG gtatttaatttttggtcatcaatgtactttacttctaattatta 2906
516 N L R K R F L I K 524

2907 ttagcag ATG GGT TCA AAC AAA AAA ATG TTA GTC AGT ACG AAC CAA ACT TTA CGA CCT GTG 2967
525 M G S N K K M L V S T N Q T L R P V 542

2968 GCA TCG ATA CTG AAA CAT TTA ATC AAT GAA GAA AGT AGT GGT ATT CCA TTT AAC TTG GAG 3027
543 A S I L K H L I N E S S G I P F N L E 562

3028 GTT TAC ATG AAG CTT ACT TTT AAG AAG GAT CTT CTT AAG CAC CGA ATG TTT GG gtaaat 3088
563 V Y M K L L T F K K D L L K H R M F G 581

FIG. 46
(CONTINUED)

+

3089 tatataatgcgcgattcctcattatttaatttgcag G CGT AAG AAG TAT TTT GTA CGG ATA GAT ATA 3155
582 R K K Y F V R I D I 591

3156 AAA TCC TGT TAT GAT CGA ATA AAG CAA GAT TTG ATG TTT CGG ATT GTT AAA AAG AAA CTC 3215
592 K S C Y D R I K Q D L M F R I V K K L 611

3216 AAG GAT CCC GAA TTT GTA ATT CGA AAG TAT GCA ACC ATA CAT GCA ACA AGT GAC CGA GCT 3275
612 K D P E F V I R K Y A T I H A T S D R A 631

3276 ACA AAA AAC TTT GTT AGT GAG GCG TTT TCC TAT T gtaagtttatttttcatggaatttttaacaa 3343
632 T K N F V S E A F S Y F 643

3344 attccttttttag TT GAT ATG GTG CCT TTT GAA AAA GTC GTG CAG TTA CTT TCT ATG AAA ACA 3405
644 D M V P F E K V V Q L L S M K T 659

3406 TCA GAT ACT TTG TTT GTT GAT TAT TGG ACC AAA AGT TCT TCT GAA ATT TTT 3465
660 S D T L F V D F V D Y W T K S S E I F 679

3466 AAA ATG CTC AAG GAA CAT CTC TCT GGA CAC AAT GTT AAG gtataccaattgtgaattgtaataaca 3532
680 K M L K E H L S G H I V K 692

3533 ctaatgaaactag ATA GGA AAT TCT CAA TAC CTT CAA AAA GTT GGT ATC CCT CAG GGC TCA 3593
693 I G N S Q Y L Q K V G I P Q G S 708

3594 ATT CTG TCA TCT TTT TTG TGT CAT TTC TAT ATG GAA GAT TTG ATT GAT GAA TAC CTA TCG 3653
709 I L S S F L C H F Y M E D L I D E Y L S 728

3654 TTT ACG AAA AAG AAA GGA TCA GTG TTG TTA CGA GTA GTC GAC GAT TTC CTC TTT ATA ACA 3713
729 F T K K G S V L L R V V D D F L F I T 748

3714 GTT AAT AAA AAG GAT GCA AAA AAA TTT TTG AAT TTA TCT TTA AGA G gtgagttgctgctattcc 3777
749 V N K K D A K K F L N L S L R G 764

3778 taagttctaacccgttggaag GA TTT GAG AAA CAC AAT TTT TCT ACG AGC CTG GAG AAA ACA GTA 3840
765 F E K H N F S T S L E K T V 778

3841 ATA AAC TTT GAA AAT AGT AAT ATA AAC AAT ACT TTT TTT AAT GAA AGC AAG AAA 3900
779 I N F E N S N G I I N N T F F N E S K K 798

FIG. 46

(CONTINUED)

+

+

FIG. 46
(CONTINUED)

+

4666 gctgaccccccaagcaagcatactataggatttcttagtaaaagtaaaataatctcgttattagtttttgattgacttgct 4745
 4746 ttatccttataacttttaagaaagattgacagtggttgctgactactgcccacatgcccatataacgggagtggttaaaca 4825
 4826 ttaaaagtaatacatgaggctaactccttctcattagataaggaagtggttttctataatgaataatgccgcacta 4905
 4906 atgcaaaaaagacgaagattatcttctaaacaagggtttaaagcatalccgaaggaaagagagataatataccagtggt 4985
 4986 gttagaagaaagcaaggataatttggaaacaagcttctgcagatgacaggctaataatttggtagccgaatttggtaaaagc 5065
 5066 cccaggttatccatggtggccgacctgctactgagacgaaaaaactaaaggatagtttgaaatactaatagctcattta 5145
 5146 atgtcttataaagggttttgggttctcctgacttcaatttgcattgggtgaaagaaatagtttaagccattattggat 5225
 5226 tccgaaatagccaaatttcttggttccctcaaaagcggaagtcctaaagaacttatggaagcttatgaggcttcaaaaactcc 5305
 5306 tccctgattttaaaggagggaattctccaccgatgaggaatggatagcttatcagctgtgaggagaagcctaatttttgc 5385
 5386 aaaaaagaaaatcatctgggagacatctcttgatgaatcagatgcggagagatctccagcggatcccttgatgtcaata 5465
 5466 acttctatttctgaaatgtatgggtcctactgtcgttctgacttctcgtagctctacgcagttaagtgaacaaagggtacc 5544

FIG. 46
(CONTINUED)

+

1
 met ser val tyr val val glu leu leu
 ATG AGT GTG TAC GTC GTC GAG CTG CTC
 GCCAAGTTCCTGCACTGGCTG
 10 20
 arg ser phe phe tyr val thr glu thr thr phe gln lys asn arg
 AGG TCT TTC TTT TAT GTC ACG GAG ACC ACG TTT CAA AAG AAC AGG
 30
 leu phe phe tyr arg lys ser val trp ser lys leu gln ser ile
 CTC TTT TTC TAC CGG AAG AGT GTC TGG AGC AAG TTG CAA AGC ATT
 40 50
 gly ile arg gln his leu lys arg val gln leu arg glu leu ser
 GGA ATC AGA CAG CAC TTG AAG AGG GTG CAG CTG CGG GAG CTG TCG
 60
 glu ala glu val arg gln his arg glu ala arg pro ala leu leu
 GAA GCA GAG GTC AGG CAG CAT CGG GAA GCC AGG CCC GCC CTG CTG
 70 80
 thr ser arg leu arg phe ile pro lys pro asp gly leu arg pro
 ACG TCC AGA CTC CGC TTC ATC CCC AAG CCT GAC GGG CTG CGG CCG
 90
 ile val asn met asp tyr val val gly ala arg thr phe arg arg
 ATT GTG AAC ATG GAC TAC GTC GTG GGA GCC AGA ACG TTC CGC AGA
 100 110
 glu lys ala glu arg leu thr ser arg val lys ala leu phe
 GAA AAG ARG GCC GAG CGT CTC ACC TCG AGG GTG AAG GCA CTG TTC
 120
 ser val leu asn tyr glu arg ala arg arg pro gly leu leu gly
 AGC GTG CTC AAC TAC GAG CGG GCG CGG CGC CCC GGC CTC CTG GGC
 130 140
 ala ser val leu gly leu asp asp ile his arg ala trp arg thr
 GCC TCT GTG CTG GGC CTG GAC GAT ATC CAC AGG GCC TGG CGC ACC
 150
 phe val leu arg val arg ala gln asp pro pro pro glu leu tyr
 TTC GTG CTG CGT GTG CGG GCC CAG GAC CCG CCG CCT GAG CTG TAC
 160 170
 phe val lys val asp val thr gly ala tyr asp thr ile pro gln
 TTT GTC AAG GTG GAT GTG ACG GGC GCG TAC GAC ACC ATC CCC CAG
 180
 asp arg leu thr glu val ile ala ser ile ile lys pro gln asn
 GAC AGG CTC ACG GAG GTC ATC GCC AGC ATC ATC AAA CCC CAG AAC
 190 200
 thr tyr cys val arg arg tyr ala val val gln lys ala ala met
 ACG TAC TGC GTG CGT CGG TAT GCC GTG GTC CAG AAG GCC GCC ATG

FIG. 47

210
 gly thr ser ala arg pro ser arg ala thr ser tyr val gln cys
 GGC ACG TCC GCA AGG CCT TCA AGA GCC ACG TCC TAC GTC CAG TGC

220 230
 gln gly ile pro gln gly ser ile leu ser thr leu leu cys ser
 CAG GGG ATC CCG CAG GGC TCC ATC CTC TCC ACG CTG CTC TGC AGC

240
 leu cys tyr gly asp met glu asn lys leu phe ala gly ile arg
 CTG TGC TAC GGC GAC ATG GAG AAC AAG CTG TTT GCG GGG ATT CGG

250 260
 arg asp gly leu leu leu arg leu val asp asp phe leu leu val
 CGG GAC GGG CTG CTC CTG CGT TTG GTG GAT GAT TTC TTG TTG GTG

270
 thr pro his leu thr his ala lys thr phe leu arg thr leu val
 ACA CCT CAC CTC ACC CAC GCG AAA ACC TTC CTC AGG ACC CTG GTC

280 290
 arg gly val pro glu tyr gly cys val val asn leu arg lys thr
 CGA GGT GTC CCT GAG TAT GGC TGC GTG GTG AAC TTG CGG AAG ACA

300
 val val asn phe pro val glu asp glu ala leu gly gly thr ala
 GTG GTG AAC TTC CCT GTA GAA GAC GAG GCC CTG GGT GGC ACG GCT

310 320
 phe val gln met pro ala his gly leu phe pro trp cys gly leu
 TTT GTT CAG ATG CCG GCC CAC GGC CTA TTC CCC TGG TGC GGC CTG

330
 leu leu asp thr arg thr leu glu val gln ser asp tyr ser ser
 CTG CTG GAT ACC CGG ACC CTG GAG GTG CAG AGC GAC TAC TCC AGC

340 350
 tyr ala arg thr ser ile arg ala ser leu thr phe asn arg gly
 TAT GCC CGG ACC TCC ATC AGA GCC AGT CTC ACC TTC AAC CGC GGC

360
 phe lys ala gly arg asn met arg arg lys leu phe gly val leu
 TTC AAG GCT GGG AGG AAC ATG CGT CGC AAA CTC TTT GGG GTC TTG

370 380
 arg leu lys cys his ser leu phe leu asp leu gln val asn ser
 CGG CTG AAG TGT CAC AGC CTG TTT CTG GAT TTG CAG GTG AAC AGC

390
 leu gln thr val cys thr asn ile tyr lys ile leu leu leu gln
 CTC CAG ACG GTG TGC ACC AAC ATC TAC AAG ATC CTC CTG CTG CAG

400 410
 ala tyr arg phe his ala cys val leu gln leu pro phe his gln
 GCG TAC AGG TTT CAC GCA TGT GTG CTG CAG CTC CCA TTT CAT CAG

FIG. 47
 (CONTINUED)

+

58/59

420
gln val trp lys asn pro his phe ser cys ala ser ser leu thr
CAA GTT TGG AAG AAC CCA CAT TTT TCC TGC GCG TCA TCT CTG ACA

430 440
arg leu pro leu leu leu his pro glu ser gln glu arg arg asp
CGG CTC CCT CTG CTA CTC CAT CCT GAA AGC CAA GAA CGC AGG GAT

450
val ala gly gly gln gly arg arg arg pro ser ala leu arg gly
GTC GCT GGG GGC CAA GGG CGC CGC CGG CCC TCT GCC CTC CGA GGC

460 470
arg ala val ala val pro pro ser ile pro ala gln ala asp ser
CGT GCA GTG GCT GTG CCA CCA AGC ATT CCT GCT CAA GCT GAC TCG

480
thr pro cys his leu arg ala thr pro gly val thr gln asp ser
ACA CCG TGT CAC CTA CGT GCC ACT CCT GGG GTC ACT CAG GAC AGC

490 500
pro asp ala ala glu ser glu ala pro gly asp asp ala asp cys
CCA GAC GCA GCT GAG TCG GAA GCT CCC GGG GAC GAC GCT GAC TGC

510
pro gly gly arg ser gln pro gly thr ala leu arg leu gln asp
CCT GGA GGC CGC AGC CAA CCC GGC ACT GCC CTC AGA CTT CAA GAC

520 530
his pro gly leu met ala thr arg pro gln pro gly arg glu gln
CAT CCT GGA CTG ATG GCC ACC CGC CCA CAG CCA GGC CGA GAG CAG

540
thr pro ala ala leu ser arg arg ala tyr thr ser gln gly gly
ACA CCA GCA GCC CTG TCA CGC CGG GCT TAT ACG TCC CAG GGA GGG

550 560
arg gly gly pro his pro gly leu his arg trp glu ser glu ala
AGG GGC GGC CCA CAC CCA GGC CTG CAC CGC TGG GAG TCT GAG GCC

564
OP
TGA GTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTGCATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCGGCTGAGGC
CTGAGCGAGTGTCAGCCAAGGGCTGAGTGTCAGCACACCTGCGTTTTCACTTCCCCAC
AGGCTGGCGTTCCGTTCCACCCAGGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACT
CCCCACATAGGAATAGTCCATCCCCAGATTGCGCCATTGTTTACCCTTCGCCCTGCCTTCC
TTTGCCTTCCACCCCCACCATTCAGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTTTGGG
AATTTGGAGTGACCAAAGGTGTGCCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGG
GTCCCTGTGGGTCAAATTTGGGGGGAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTT
TTTCAGTTTTTGGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

FIG. 47
(CONTINUED)

+

+

59/59

Motif -1
 Ep p123 ...LVVSLIRCFFVYTEQQKSYSKT...
 Sp Tez1 ...FIIPILQSFFYITESDLRNRT...
 Sc Est2 ...LIPKIIQTFFYCTEISSTVTIV...
 Hs TCP1 ...YVVELLRSSFFVTETTTFQKNRL...
 consensus FFY TE

Motif 0
 Ep p123 ...KSLGFAPGKLRRLIPKKT--TFRPIMTFNKKIV...
 Sp Tez1 ...QKTTLPPAVIRLLPKKN--TFRLITNLRKRFL...
 Sc Est2 ...TLSNFNHSMRIIPKKSNEFRIIAIPCRGAD...
 Hs TCP1 ...ARPALLTSRLRFIPKPD--GLRPIVNMDYVVG...
 consensus R PK R I

Motif A
 Ep p123 ...PKLFFATMDIEKCYDSVNREKLSTFLK...
 Sp Tez1 ...RKKYFVRIDIKSCYDRIKQDLMFRIVK...
 Sc Est2 ...PELYFMKFDVKSCYDSIPRMECMRILK...
 Hs TCP1 ...PELYFVKVDVTGAYDTIPQDRLTEVIA...//...
 consensus F D YD

Motif B
 Ep p123 ...NGKFKYQTKGIPQGLCVSSILSSFYYA...
 Sp Tez1 ...GNSQYLQKVGIPQGSILSSFLCHFYME...
 Sc Est2 ...EDKCYIREDGLFQGSSLSAPIVDLVYD...
 Hs TCP1 ...RATSYVQCQGIPQGSILSTLLCSLCYG...
 consensus G QG S

Motif C
 Ep p123 ...PNVNLLMRLTDDYLLITTQENN...
 Sp Tez1 ...KKGSVLLRVDDFLFITVNKKD...
 Sc Est2 ...SQDTLILKLADDFLIISTDQQQ...
 Hs TCP1 ...RRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTH...
 consensus DD L

Motif D
 Ep p123 ...NVSRENGFKFNMKKL...
 Sp Tez1 ...LNLSLRGFEEKHNFST...
 Sc Est2 ...KKLAMGGFQKYNAKA...
 Hs TCP1 ...LRTLVRGVPEYGCVV...
 consensus G

FIG. 48

+